

BfR-Symposium „Zoonosen und Lebensmittelsicherheit“

Symposium, 4.–5. November 2019, Berlin

Impressum

BfR Abstracts

BfR-Symposium „Zoonosen und Lebensmittelsicherheit“

Für den Inhalt der Abstracts sind deren Autoren verantwortlich.

Bundesinstitut für Risikobewertung
Max-Dohrn-Straße 8–10
10589 Berlin

Berlin 2019
69 Seiten

Druck: BfR-Hausdruckerei Marienfelde

Inhalt

1	Programm	7
2	Abstracts Vorträge	11
2.1	Zoonoseerreger in der Lebensmittelkette in Deutschland – 2018	11
2.2	Prävalenzermassung und Monitoring von Zoonoseerregern in Wildtieren in Brandenburg	15
2.3	Die Entwicklung von Zoonoseerregern bei der Lagerung von verpacktem Hähnchenfleisch	17
2.4	Lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche in Deutschland – Erreger, Trends und Ursachen	19
2.5	Langanhaltender Krankheitsausbruch durch <i>S. Enteritidis</i> CT 1734	21
2.6	Nutzen und Grenzen der Verfolgung von Warenströmen in einem langanhaltenden Ausbruch	23
2.7	Hepatitis E, aktuelle Aspekte	25
2.8	Hepatitis E virus: an investigation of within-herd transmission and factors affecting risk of infection in slaughter age pigs	27
2.9	Hepatitis A Erkrankungen durch Datteln unter Reiserückkehrern aus Marokko	31
2.10	Economic evaluation of freezing meat and improving biosecurity on pig farms to reduce toxoplasmosis	33
2.11	FRESIL: Früherkennung Sicherheit der Lebensmittel	35
2.12	Das One Health EJP Glossar – eine web-basierte Lösung zur Unterstützung der sektorübergreifenden Kommunikation im One Health Bereich	37
2.13	Campylobacter bei Geflügel im Zoonosen-Monitoring	39
2.14	Campylobacter auf Eiern	41
2.15	Prävention und Bekämpfung von Campylobacter-Infektionen: Ein "One Health"-Ansatz	43
2.16	Aktuelle Entwicklungen im Bereich Rohmilch	47
2.17	<i>Salmonella</i> -Bekämpfung beim Geflügel – Auswirkungen auf das Lebensmittel	49
2.18	Senkung der Salmonellenprävalenz in sauen- und ferkelhaltenden Betrieben in NRW	53
2.19	Applying <i>Salmonella</i> vaccination at the top of a UK pig production pyramid	57
2.20	Nachweis der Übertragung und Veränderung eines Carbapenemase-kodierenden Plasmids im Tiermodell Huhn	59
2.21	Epidemiologie von Leptospiren in Deutschland	61
2.22	Variabilität des Vorkommens von Zoonoseerregern auf Schlachtkörpern	63
3	Abstracts Poster	67
3.1	Salmonellen Monitoring in deutschen Putenmastbeständen 2006–2018	67
4	Autorenverzeichnis	69

Sehr geehrte Kolleginnen und Kollegen,
sehr geehrte Gäste,
wir heißen Sie im BfR recht herzlich willkommen zum mittlerweile
5. BfR-Symposium „Zoonosen und Lebensmittelsicherheit“!

In den nächsten zwei Tagen wird Ihnen mit 22 Vorträgen eine Übersicht über bedeutsame und aktuelle Fragestellungen und Bewertungen zu Zoonoseerregern im Kontext der Lebensmittelsicherheit vorgestellt. Hierzu konnten wir internationale und nationale Experten und Expertinnen von Bundes- und Landesinstituten, Universitäten und anderen Forschungseinrichtungen gewinnen.

Neben Übersichtsvorträgen zum Vorkommen von Zoonoseerregern entlang der verschiedenen Lebensmittelketten und zu lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen werden Schwerpunkte auf ausgewählte wichtige Zoonoseerreger gesetzt.

Salmonellen bleiben ein wichtiges Thema. So wird z. B. über den Stand der Aufklärung eines lang anhaltenden lebensmittelassoziierten Krankheitsausbruch, verursacht durch *S. Enteritidis* berichtet. Für die Rückverfolgung der mutmaßlich beteiligten Lebensmittel entlang der Warenkette wurde die am BfR entwickelte Software FoodChain-Lab eingesetzt. Auch aktuelle Aspekte der Bekämpfung von Salmonellen bei unterschiedlichen Tierarten werden beleuchtet.

Ein weiterer Schwerpunkt liegt auf *Campylobacter* spp., der am häufigsten bakteriell bedingte Lebensmittelinfektionen verursacht. Hier wurde mit Verordnung (EU) Nr. 2017/1495 ein Prozesshygienekriterium für Hähnchenkarkassen am Schlachthof eingeführt. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings werden seither jährlich quantitative Untersuchungen der Halshaut von Hähnchenschlachtkörpern auf *Campylobacter* spp. durchgeführt.

Viren in Lebensmitteln gewinnen zunehmend Aufmerksamkeit nachdem es zu größeren lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen durch mit Viren kontaminierte Lebensmittel gekommen ist. Auch die Zahl der Hepatitis E- Infektionen beim Menschen in Deutschland steigt seit einigen Jahren deutlich an. Wir beleuchten den aktuellen Stand der Kenntnisse und berichten auch über einen lebensmittelbedingten Krankheitsausbruch durch Hepatitis A Viren.

Methodischen Fragestellungen widmen sich zwei Vorträge zur Früherkennung der Sicherheit von Lebensmitteln und zur webbasierten Unterstützung der sektorübergreifenden Kommunikation. Auch ökonomische und technologische Aspekte der Vorbeugung lebensmittelbedingter zoonotischer Infektionen werden wir beleuchten.

Alle Mitarbeiterinnen und Mitarbeiter des BfR wünschen Ihnen eine erfolgreiche und spannende Tagung, angeregte Diskussionen und angenehme Tage in Berlin.

Professor Dr. Dr. Andreas Hensel

1 Programm

Montag, 4. November 2019

9:45–10:00 Uhr

Begrüßung

Prof. Dr. Dr. Andreas Hensel, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

10:00–10:30 Uhr

Zoonoseerreger in der Lebensmittelkette in Deutschland – 2018

Dr. Katja Alt, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

10:30–11:00 Uhr

Prävalenzfassung und Monitoring von Zoonoseerregern in Wildtieren in Brandenburg

Dr. Martin Richter, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

11:00–11:30 Uhr

Die Entwicklung von Zoonoseerregern bei der Lagerung von verpacktem Hähnchenfleisch

PD Dr. Felix Reich, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

11:30–12:00 Uhr Kaffeepause

12:00–12:30 Uhr

Lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche in Deutschland – Erreger, Trends und Ursachen

Ursula Mikolajetz, Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Berlin

12:30–13:00 Uhr

Langanhaltender Krankheitsausbruch durch S. Enteritidis CT 1734

Dr. Anika Schielke, Robert Koch-Institut, Berlin

13:00–13:30 Uhr

Nutzen und Grenzen der Verfolgung von Warenströmen in einem langanhaltenden Ausbruch

Marion Gottschald, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

13:30–14:30 Uhr Mittagspause

14:30–15:00 Uhr

Hepatitis E, aktuelle Aspekte

Prof. Dr. Reimar Johne, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

15:00–15:30 Uhr

Hepatitis E virus: an investigation of within-herd transmission and factors affecting risk of infection in slaughter age pigs

Susan Withenshaw, Animal and Plant Health Agency, United Kingdom

15:30–16:00 Uhr

Hepatitis A Erkrankungen durch Datteln unter Reiserückkehrern aus Marokko

Dr. Kai Michaelis, Robert Koch-Institut, Berlin

16:00–16:30 Uhr Kaffeepause

16:30–17:00 Uhr

Economic evaluation of freezing meat and improving biosecurity on pig farms to reduce toxoplasmosis

Dr. Anita Suijkerbuijk, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu, Niederlande

17:00–17:30 Uhr

FRESIL: Früherkennung Sicherheit der Lebensmittel

Dr. Anita Suijkerbuijk, Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu, Niederlande

17:30–18:00 Uhr

Das One Health EJP Glossar – eine webbasierte Lösung zur Unterstützung der sektorübergreifenden Kommunikation im One Health Bereich

Dr. Tasja Buschhardt, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

anschließend: Get-together

Freitag, 5. November 2019

9:00–9:30 Uhr

Campylobacter bei Geflügel im Zoonosen-Monitoring

Dr. Kerstin Stingl, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

9:30–10:00 Uhr

Campylobacter auf Eiern

Dr. Ute Messelhäuser, Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, Oberschleißheim

10:00–10:30 Uhr

Prävention und Bekämpfung von Campylobacter-Infektionen: Ein "One Health"-Ansatz

Prof. Dr. Thomas Alter, Freie Universität Berlin

10:30–11:00 Uhr

Aktuelle Entwicklungen im Bereich Rohmilch

Dr. Anja Buschulte, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

11:00–11:30 Uhr Kaffeepause

11:30–12:00 Uhr

Salmonella-Bekämpfung beim Geflügel – Auswirkungen auf das Lebensmittel

Prof. Dr. Annemarie Käsbohrer, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin, Veterinärmedizinische Universität Wien, Österreich

12:00–12:30 Uhr

Senkung der Salmonellenprävalenz in sauen- und ferkelhaltenden Betrieben in NRW

Jürgen Harlizius, Landwirtschaftskammer Nordrhein-Westfalen, Bad Sassendorf

12:30–13:00 Uhr

Applying Salmonella vaccination at the top of a UK pig production pyramid

Judy M. Bettridge, Animal and Plant Health Agency, United Kingdom

13:00–14:00 Uhr Mittagspause

14:00–14:30 Uhr

Nachweis der Übertragung und Veränderung eines Carbapenemase-kodierenden Plasmids im Tiermodell Huhn

Sead Hadziabdic, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

14:30–15:00 Uhr

Epidemiologie von Leptospiren in Deutschland

Duygu Emirhar, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

15:00–15:30 Uhr

Variabilität des Vorkommens von Zoonoseerregern auf Schlachtkörpern

PD Dr. Bernd-Alois Tenhagen, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

15:30–16:00 Uhr

Schlusswort

Prof. Dr. Karsten Nöckler, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

2 Abstracts Vorträge

2.1 Zoonoseerreger in der Lebensmittelkette in Deutschland – 2018

Katja Alt

Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Einleitung

Deutschland ist wie die anderen EU-Mitgliedstaaten nach der Richtlinie 2003/99/EG verpflichtet, jährlich einen Bericht über Trends und Quellen von Zoonoseenerregern für das zurückliegende Jahr zu erstellen und an die Europäische Kommission und Europäische Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) zu übermitteln. Basis dieser Berichterstattung sind unter anderem:

1. die jährlichen Erhebungen über die Ergebnisse der Untersuchungen auf Zoonoseerreger bei den zuständigen Stellen in den Bundesländern nach u. a. Lebensmittel- und Futtermittelgesetzbuch, Infektionsschutzgesetz und Tiergesundheitsgesetz sowie
2. das Zoonosen-Monitoring nach AVV Zoonosen Lebensmittelkette und
3. die Ergebnisse der *Salmonella*-Bekämpfungsprogramme bei Hühnern und Puten, die jedoch nicht Gegenstand des vorliegenden Beitrags sind.

Seit 1995 werden von der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“ am BfR jährlich Erhebungen zu den Ergebnissen der Untersuchungen in den Ländern im Rahmen der Lebensmittelüberwachung von Tieren, Futtermitteln sowie Umweltproben durchgeführt. Zudem entstehen am BfR jährlich seit 2009 die Konzepte des Zoonosen-Monitorings mit Anspruch auf Repräsentativität für Deutschland sowie die Typisierungsdaten der dazu eingesandten Isolate und abschließend die Bewertungen der durchgeführten Programme.

Europaweit und in Deutschland gelten die Trends zu gemeldeten humanen Infektionen mit *Campylobacter* und EHEC als stabil, während Salmonellosen und Listeriosen in den letzten Jahren zunehmend gemeldet werden (EFSA and ECDC 2018; RKI 2019). Im Folgenden werden ausgewählte Ergebnisse aus den unterschiedlichen Erhebungen zu den oben genannten Zoonoseerregern in der Lebensmittelkette im Jahr 2018 gegenüber sowie in Kontext zu vergangenen Untersuchungen gestellt.

***Campylobacter* spp.**

Die Ergebnisse zu den Untersuchungen auf thermophile *Campylobacter* aus der Lebensmittelüberwachung zeigten in 2018 erneut, dass während frisches Schweinefleisch im Einzelhandel selten kontaminiert ist (Median²⁰¹⁴⁻²⁰¹⁸ = 3,5 %), ist es Hähnchenfleisch besonders häufig (Median²⁰¹⁴⁻²⁰¹⁸ = 51,5 %). Im Zoonosen-Monitoring sind die Ergebnisse zu den gleichen Matrices vergleichbar; Schweinefleisch war bisher tendenziell etwas seltener positiv (0,3–0,5 %, untersucht in 2009, 2011 und 2015), während die Prävalenz in Hähnchenfleisch ähnlich hoch ist (Median der letzten 5 Untersuchungsjahre = 47,2 %). Dabei ist in beiden Erhebungssystemen die Verteilung der Spezies vergleichbar: während *Campylobacter coli* häufiger in Schweinefleisch vorkommt, ist *Campylobacter jejuni* die prädominierende Spezies in Hähnchenfleisch. Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings findet die quantitative Untersuchung von Hähnchenkarkassen am Schlachthof seit 2017 statt. Diese Ergebnisse zeigen, dass konstant etwa jede fünfte Karkasse mit mehr als 1000 KbE/g belastet ist. Ab dem Jahr 2025 muss der Lebensmittelunternehmer bei solchen Ergebnissen (> 20 % der Karkassen mit > 1000 KbE/g) dem neu eingeführten Prozesshygienekriterium nach Maßnahmen zur Reduktion der Karkassenbelastung einleiten.

Andere bei der Durchführung der Lebensmittelüberwachung untersuchte Lebensmittel (Rohmilch ab Hof, Konsumeier und frisches Putenfleisch) zeigten über die letzten fünf Jahre schwankende Prävalenzen. Vergleichbare Untersuchungen im Zoonosen-Monitoring ergaben leicht niedrigere Prävalenzen. Bei frischem Putenfleisch ohne Haut konnte im Zoonosen-

Monitoring 2018 erstmalig ein deutlicher Unterschied zwischen Proben aus konventioneller (19,4 %) und ökologischer Produktion (32,7 %) festgestellt werden. Der Grund für diese Diskrepanz ist nicht bekannt.

STEC

Proben von Rind- und Schweinefleisch im Einzelhandel waren in den Untersuchungen der Lebensmittelüberwachung der letzten 5 Jahre tendenziell selten (< 5 %) mit STEC kontaminiert. Das wird teilweise von den Ergebnissen im Zoonosen-Monitoring bestätigt. Hier waren Proben von frischem Rindfleisch zwischen 2–6 % (2011–2013) positiv, hingegen war Schweinefleisch in der bisher einzigen Untersuchung im Jahr 2009 mit 2 % seltener belastet. Unter den Lebensmitteln tierischer Herkunft ist sowohl in den Ergebnissen der Lebensmittelüberwachung (Median²⁰¹⁴⁻²⁰¹⁸ = 25 %) als auch im Zoonosen-Monitoring (16,1 % in 2012 und 31,8 % in 2017) Fleisch von Wildwiederkäuern mit Abstand die am häufigsten mit STEC kontaminierte Matrix. Pflanzliche Lebensmittel hingegen waren in den amtlichen Planproben nur selten (< 1,5 %) positiv und im Rahmen des Zoonosen-Monitorings durchweg negativ für STEC (Blatt- und Kopfsalate, frische Erdbeeren, frische Kräuter, vorgeschnittene Blattsalate, frische Sprossen, Tomaten und Sesamsaaten).

Salmonella spp.

Der Salmonellenstatus wird beim Schwein über verschiedene Instrumente erhoben. Zum einen ist der Lebensmittelunternehmer nach VO (EG) Nr. 2073/2005 dazu angehalten, Schweinekarkassen am Schlachthof auf Salmonellen zu untersuchen. Der Anteil positiver Untersuchungen ist der Europäischen Kommission seit 2016 mitteilungspflichtig und bewegt sich seither zwischen 0,5–2,2 %, in 2018 0,8 %. In Kontrast dazu wurde in Schweinekarkassen im Zoonosen-Monitoring in 2018 mit 5,1 % die höchste Prävalenz bisher geschätzt, aber auch in der Vergangenheit waren im Rahmen dieser Erhebung die Prävalenzen höher mit Werten zwischen 2,9–4,5 %. Schweinefleisch im Einzelhandel war in den Ergebnissen der Lebensmittelüberwachung im Median der Jahre 2014–2018 zu 2,1 % mit Salmonellen belastet. Dabei sind die Prävalenzen tendenziell abnehmend, in 2018 waren 0,6 % der Proben positiv. Bei Hackfleisch sind die Ergebnisse der letzten fünf Jahre unregelmäßig zwischen 0,6–3,3 %, in 2018 waren 1,3 % der Proben positiv. Die Ergebnisse im Zoonosen-Monitoring sind ähnlich, dabei waren in den drei Erhebungen bisher (2009, 2011 und 2015) 0,4–1,4 % der Proben von frischem Schweinefleisch kontaminiert. Frisches Hackfleisch war dabei in 2018 mit 1,3 % ähnlich selten positiv, vergangene Untersuchungsergebnisse in 2011 (1,3 %) und 2017 (0,7 %) bestätigen dies.

Weitaus häufiger kamen Salmonellen in 2018 in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel in den Untersuchungen aus der Lebensmittelüberwachung vor. Hier waren 7,2 % der Proben positiv (Median²⁰¹⁴⁻²⁰¹⁸ = 6,6 %). Im Zoonosen-Monitoring 2018 waren Halshautproben von Masthähnchen zu 7,6 % und Hähnchenfleischproben zu 5,6 % positiv und damit etwas häufiger mit Salmonellen kontaminiert als die entsprechenden Proben im Zoonosen-Monitoring 2016 (6,7 % bzw. 4,7 % positive Proben). Putenfleischproben aus der Lebensmittelüberwachung waren in 2018 zu 2,3 % kontaminiert (Median²⁰¹⁴⁻²⁰¹⁸ = 2,0 %). In den Halshautproben von Mastputenschlachtkörpern wurden im Zoonosen-Monitoring 2018 Salmonellen sogar zu 22,7 % und damit fast doppelt so häufig nachgewiesen wie in 2016 (11,9 % positive Proben). Frisches konventionelles Putenfleisch war mit 4,0 % positiver Proben ebenfalls etwas häufiger mit Salmonellen kontaminiert als Putenfleisch im vorherigen Untersuchungsjahr (2,6 % positive Proben). Frisches Putenfleisch aus ökologischen Haltungen wies eine Kontaminationsrate von 2,9 % auf.

In anderen Matrices, wie Rindfleisch (Median²⁰¹⁴⁻²⁰¹⁸ = 0,3 %) oder Konsumeiern (Median²⁰¹⁴⁻²⁰¹⁸ = 0,2 %) im Einzelhandel wurden Salmonellen in den Erhebungen der Lebensmittelüberwachung in 2018 kaum nachgewiesen. Ebenso wurden Salmonellenfunde in pflanzlichen Lebensmitteln in den vergangenen Jahren sehr selten mitgeteilt. Gewürze waren im Median der Jahre 2014–2018 zu 0,1 % und Tee zu 0,5 % positiv. Das bestätigen die Ergebnisse im Zoonosen-Monitoring, in denen seit 2011 unterschiedliche pflanzliche Le-

bensmittel untersucht wurden. Nur selten wurden bisher in diesen Matrices Salmonellen nachgewiesen (je 1 positiver Befund aus frischen Kräutern und vorgeschnittenen Blattsalaten, 3 positive Befunde aus Sprossen).

Listeria monocytogenes

In Proben von Lebensmitteln im Einzelhandel wurde *Listeria (L.) monocytogenes* in 2018 erneut besonders häufig (18,4 %) in Hackfleisch vom Rind nachgewiesen (Median²⁰¹⁴⁻²⁰¹⁸ = 19,8 %). Auch in Hähnchenfleisch wurde in 22 % der Proben *L. monocytogenes* nachgewiesen. Ein vergleichbar hoher Wert konnte schon in 2016 festgestellt werden, jedoch sind die gemeldeten Prävalenzen in den letzten fünf Jahren schwankend (Median²⁰¹⁴⁻²⁰¹⁸ = 9,8 %). Im Zoonosen-Monitoring wurde im Jahr 2018 *L. monocytogenes* ebenfalls häufig in Hähnchenfleischproben ohne Haut nachgewiesen (15,4 %). Auch in streichfähigen oder schnittfesten Rohwürsten überwiegend aus Geflügelfleisch waren 3,5 % der Proben positiv. Geräucherter Fisch war in den Meldungen aus der Lebensmittelüberwachung in 2018 zu 3,6 % positiv auf *L. monocytogenes* getestet worden (Median²⁰¹⁴⁻²⁰¹⁸ = 6,9 %). Dabei zeigen die Werte aus den vergangenen Jahren keinen klaren Trend.

Schlussfolgerungen

Die Ergebnisse der Lebensmittelüberwachung und die des Zoonosen-Monitorings decken sich in weiten Bereichen, trotz unterschiedlicher Zielsetzung. Während der Lebensmittelüberwachung ein risikoorientierter Ansatz zugrunde liegt, ist das Ziel des Zoonosen-Monitorings, auf nationaler Ebene die Prävalenz von relevanten Zoonose-Erregern entlang der Lebensmittelkette repräsentativ zu schätzen. Möglicherweise ist das der Grund für die tendenziell etwas höheren Prävalenzschätzungen in den Ergebnissen der Untersuchungen der Lebensmittelüberwachung.

Insgesamt bestätigen die Ergebnisse in 2018 die bisherigen Trends in der Lebensmittelüberwachung. *Campylobacter* kommt in Proben von Hähnchenfleisch etwa 10-mal häufiger vor als in Schweinefleisch. Das bestätigen die Erhebungen im Zoonosen-Monitoring, ergänzend weisen die quantitativen Untersuchungen am Schlachthof auf hohe Keimzahlen < 1000 KbE bei jeder fünften Hähnchenkarkasse hin. Auch Salmonellen kommen in beiden Erhebungssystemen bei Schweinefleisch und Hackfleisch deutlich seltener vor als bei Hähnchenfleisch. Im Zoonosen-Monitoring konnte in 2018 Putenfleisch aus ökologischer mit solchem aus konventioneller Produktion hinsichtlich des Vorkommens von Zoonoseerregern verglichen werden: erstaunlicherweise waren Proben von ökologisch produziertem Fleisch deutlich häufiger mit *Campylobacter* kontaminiert als solche von konventionell produziertem. Diese Beobachtung konnte für Salmonellen nicht gemacht werden. STEC wurde in 2018 erneut mit 25 % positiver Proben mit Abstand am häufigsten in Fleisch von Wildwiederkäuern aus der Lebensmittelüberwachung gemeldet. Hingegen waren pflanzliche Lebensmittel selten positiv; in den Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings wurden bisher keine positiven Proben von pflanzlichen Lebensmitteln gefunden (in 2018 wurden Sesamsaaten untersucht). Salmonellen hingegen werden in beiden Erhebungssystemen in pflanzlichen Lebensmitteln selten nachgewiesen. Die Ergebnisse zu *Listeria monocytogenes* zeigen sowohl in den Ergebnissen der Lebensmittelüberwachung als auch im Zoonosen-Monitoring, dass Hähnchenfleisch häufig kontaminiert ist.

Danksagung

Wir danken den beteiligten Behörden der Länder, den Kolleg*innen des BVL sowie den Kolleg*innen hier am BfR.

Literatur

1. EFSA and ECDC (2018) The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2017. EFSA-Journal 16.
2. RKI (2019): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2018. Robert Koch-Institut, Berlin.

2.2 Prävalenzerfassung und Monitoring von Zoonoseerregern in Wildtieren in Brandenburg

Martin Richter, Kaya Christina Stollberg, Nadja Bier, Carolyn Kästner, Annette Johne, Claudia Jäckel, Carl Gremse, Marie Reinhard, Niels Bandick, Monika Lahrssen-Wiederholt, Karsten Nöckler

Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Hintergrund

Seit 2017 führt das BfR auf Bundesforstflächen innerhalb des am BfR neu gegründeten Studienzentrums für landnutzungsbezogene Bewertungsverfahren und One Health (LaBeOH) neben des Monitorings chemischer Kontaminanten auch systematisch Studien zum Vorkommen zoonotischer Erreger in Wildtieren durch. Hierbei werden zum einen Prävalenzen zoonotischer Pathogene in Carnivoren, wie etwa Marderhund und Fuchs, und zum anderen in Wildtieren, die als Wildbret verzehrt werden, untersucht. In Langzeitstudien sollen zudem Faktoren untersucht werden, die Einfluss auf Erregerprävalenzen haben können. Hierzu zählen insbesondere der Einfluss des Klimawandels, oder auch das Migrationsverhalten von Wirtstieren in bisher nicht oder seit langem nicht mehr besiedelte Ökosysteme. Gleichermaßen wird das Entstehen neuer oder das Besiedeln bereits bestehender ökologischer Nischen, die von bestimmten neuen (emerging) oder wiederauftretenden (re-emerging) Pathogenen besetzt werden, untersucht. Im Mittelpunkt stehen hierbei auch Untersuchungen zu den zoonotischen Eigenschaften dieser Pathogene und ihrem Gefährdungspotenzial für den Menschen.

Momentan gibt es kaum belastbare Daten zu Erregervorkommen in Wildtierpopulationen in Deutschland. Hier präsentieren wir erste Ergebnisse zum Vorkommen von zoonotischen Erregern in Wildtieren im Bundesland Brandenburg unter Berücksichtigung von klima- und wetterbedingten Einflüssen.

Methoden

Im Rahmen eines innerhalb des Studienzentrums LaBeOH initiierten Monitoringprojektes von Wildtieren wurden während der Jagdsaisons 2017/18 und 2018/19 im Bundesland Brandenburg verschiedene Wildtierproben, u. a. Herzmuskel, Vorderlauf, Fett- und Bindegewebe, Zwerchfell, Leber, Zunge, Tonsillen und Blut auf das Vorkommen folgender Erreger beprobt: i) Parasiten: Toxoplasmen, Kryptosporidien, *Alaria alata* Mesozerkarien; ii) Bakterien: Yersinien, *Campylobacter* spp.; und iii) Viren: Rotaviren, Hep-E Viren. Neben der Isolierung wurden zur Diagnostik molekularbiologische (PCR, rt-PCR) und serologische Methoden (Immunofluoreszenz, ELISA, Western Blot) angewendet.

Diskussion und Ausblick

Die erzielten Ergebnisse dienen der Verbesserung der Datendichte im Bereich des Vorkommens zoonotischer Pathogene in Wildtieren. Bei den Wildtieren, die üblicherweise als Wildbret verzehrt werden, soll zusätzlich das hiervon ausgehende Risiko für die Verbraucherinnen und Verbraucher besser abgeschätzt werden können. Ferner sollen Langzeitstudien dazu beitragen, das Erregerverhalten in Abhängigkeit klimatischer Bedingungen zu verstehen und die möglichen Auswirkungen für den Menschen besser abzuschätzen. Da auch der Verzehr von Wildbret kontinuierlich steigt, können diese Erkenntnisse außerdem in prophylaktische Maßnahmen, wie die Fleischuntersuchung, einfließen. Darüber hinaus ist geplant, dieses Monitoring auf andere Bundesländer auszuweiten, um auch regionale Unterschiede zu untersuchen.

2.3 Die Entwicklung von Zoonoseerregern bei der Lagerung von verpacktem Hähnchenfleisch

Thomas Tolksdorf, Kerstin Stingl, Niels Bandick, Felix Reich

Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Fleisch ist ein beliebtes Lebensmittel. Im Jahr 2017 wurden in Deutschland 59,7 kg Fleisch pro Kopf verzehrt, davon 10,0 kg Rindfleisch, 35,8 kg Schweinefleisch und 12,4 kg Geflügelfleisch (BLE, 2018).

Frischfleisch ist kein steriles Produkt, die Umstände und Prozesse der Fleischgewinnung und -bearbeitung führen zur Kontamination des Fleisches mit Mikroorganismen, die zu Verderb oder einer Gesundheitsgefährdung bei Verbrauchern führen können. Zu den bedeutenden, durch Frischfleisch übertragenen Krankheitserregern gehören unter anderem die im Darm gesunder Tiere vorkommenden Salmonellen, thermophilen *Campylobacter* spp., oder enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC). Diese Bakterien werden beim Menschen regelmäßig als Verursacher gastrointestinaler Erkrankungen bestätigt. Eine Übertragung findet entlang der Lebensmittelkette statt. Nach der Schlachtung und Zerlegung wird frisches Fleisch gekühlt gelagert und lose an Frischfleischtheken oder verpackt (SB-Ware) über Lebensmitteleinzelhandels-Geschäfte an die Verbraucher abgegeben, die das Fleisch anschließend bis zum Verbrauch im häuslichen Kühlschrank lagern. Frischfleisch wird mittlerweile je zur Hälfte als lose Ware über Verkaufstheken oder als SB-Ware abgegeben (LFL, 2019). Der Erhalt der Qualität ist die Hauptfunktion der Verpackung von Frischfleisch. Üblich ist derzeit die Verpackung unter modifizierter Atmosphäre (**Modified Atmosphere Packaging**, Schutzatmosphäre) oder unter Vakuum (z. B. Skin Packaging). Bei MAP-Verpackungen werden meist die Gase Stickstoff (N₂), Kohlenstoffdioxid (CO₂) und Sauerstoff (O₂) eingesetzt. Stickstoff hat als inertes Gas eine sauerstoffverdrängende und die Verpackung stabilisierende Funktion (Stützgas). Sauerstoff führt zur Oxygenierung des Myoglobins und bewirkt so eine frisch rot erscheinenden Form des Muskelfarbstoffs (Oxymyoglobin). Dies ist insbesondere bei der Verpackung von Rotfleisch von Bedeutung. Darüber hinaus kann das Wachstum anaerober Mikroorganismen unterdrückt werden. Der Entzug von Sauerstoff und Zusatz von CO₂ kann allgemein das Wachstum von Mikroorganismen hemmen und so eine Verlängerung der Haltbarkeit unterstützen. In Vakuumverpackungen wird die das Fleisch umgebende Luft abgezogen und eine sauerstoffarme Verpackung ohne den Zusatz funktioneller Gase geschaffen.

Neben der Verderbnisflora sind die auf Fleisch vorkommenden Krankheitserreger zu beachten. Lebensmittelassoziierte Infektionserreger wie Salmonellen und *Campylobacter* sind besonders bei Geflügelfleisch von Bedeutung. Verschiedene Untersuchungen wiesen darauf hin, dass Bakterien unter Kühlung oder verschiedenen ungünstigen Umweltbedingungen in nicht kulturell vermehrungsfähige Stadien übergehen (Zhao *et al.*, 2017). Insbesondere für *Campylobacter* ist dies beschrieben. Die derzeit etablierten quantitativen Untersuchungsverfahren in der Lebensmittelmikrobiologie sind auf die kulturelle Anzucht gestützt. Vor diesem Hintergrund stellt sich die Fragen, wie eine durch kulturelle Verfahren gemessene Keimzahlreduktion im Laufe der Lagerung eines Lebensmittels zu bewerten ist.

Ziel dieser Untersuchungen war es, die quantitative Entwicklung relevanter Zoonoseerreger auf Hähnchenfleisch während der Lagerung mit quantitativen kulturellen sowie quantitativen molekularbiologischen Verfahren zu untersuchen. Im Rahmen des Symposiums werden erste Ergebnisse vorgestellt.

Für die Untersuchungen wurden in drei Versuchsdurchläufen handelsübliche Hähnchenbrustfleisch-Innenfilets mit einer Restlaufzeit von mindestens 7 Tagen bis zum Ablauf des Verbrauchsdatums erworben. Das Fleisch wurde mit frischen Mischkulturen der folgenden Bakterien beimpft: thermophile *Campylobacter* spp. (5 Log₁₀ KbE/g), *Salmonella enterica*

Serovare ($4 \text{ Log}_{10} \text{ KbE/g}$) und *E. coli* ($4 \text{ Log}_{10} \text{ KbE/g}$). Das Fleisch wurde portioniert und unter Vakuum oder Schutzatmosphäre (25 % CO_2 /75 % O_2) verpackt. Die Lagerung erfolgte für 13 Tage bei entweder +4 °C oder +10 °C. Die Bestimmung der Koloniezahl erfolgte am Tag der Verpackung (initiale Belastung und Bestätigung der Inokulationsdosis) sowie an den Tagen 3, 6, 8, 10 und 13 nach Verpackung. Neben den inokulierten Spezies wurden mikrobiologische Untersuchungen auf die aerobe mesophile Koloniezahl (PC-Agar, 30 °C, 72 h, aerob), die Zählung der präsumtiven *Enterobacteriaceae* (VRBD-Agar, 37 °C, 48 h, aerob), und von präsumtiven *Pseudomonas* spp. (GSP Agar, 30 °C, 48 h, aerob) durchgeführt. *E. coli* (TBX-Agar, 44 °C, 24 h, aerob) Salmonellen (XLD-Agar, 37 °C, 24 h, aerob) und thermophile *Campylobacter* spp. (mCCD-Agar, 41,5 °C, 48 h, mikroaerob) wurden kulturell quantitativ untersucht. *Campylobacter* spp. und *E. coli* darüber hinaus molekularbiologisch quantitativ mittels qPCR.

Zur Darstellung der Entwicklung der Bakteriengruppen zwischen den einzelnen Versuchen, wurden die logarithmierten Koloniezahldifferenzen gebildet. Während der Lagerung kam es erwartungsgemäß bei allen Verpackungsformen und Lagerungstemperaturen zu einem Anstieg der aeroben mesophilen Koloniezahl. Der relative Anstieg der Koloniezahl war unter Schutzatmosphäre größer als unter Vakuum, ebenso traf dies auf den Anstieg der Pseudomonaden zu, unabhängig von der Lagerungstemperatur. Die Gruppe der *Enterobacteriaceae* stieg während der Lagerung bei +10 °C unter Schutzatmosphäre stärker als unter Vakuum. Bei +4 °C war die Entwicklung der präsumtiven *Enterobacteriaceae* bei beiden Verpackungsformen vergleichbar. Bezogen auf *E. coli* und Salmonellen konnten tendenziell geringe Reduktionen beobachtet werden, insbesondere für Salmonellen waren die kulturell quantitativen Ergebnisse aufgrund einer zum Teil ausgeprägten Begleitflora mit einer größeren Unsicherheit verbunden. Für *Campylobacter* konnten Reduktionen in der Größenordnung von bis zu einer Log_{10} -Stufe beobachtet werden. Dieser Effekt war in der Verpackung mit Schutzatmosphäre ausgeprägter als bei der Vakuumverpackung. Die anschließende quantitative molekularbiologische Untersuchung der Proben wird zeigen, ob die niedrigeren Keimzahlen in einer tatsächlichen Inaktivierung der Zellen begründet sind.

Literatur

1. BLE, 2018. Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Bericht zur Markt- und Versorgungslage Fleisch 2018. https://www.ble.de/SharedDocs/Downloads/DE/BZL/Daten-Berichte/Fleisch/2018BerichtFleisch.pdf?__blob=publicationFile&v=4
2. LFL, 2019, Bayerische Landesanstalt für Landwirtschaft, AGRARMÄRKTE Jahreshaft 2018. https://www.lfl.bayern.de/mam/cms07/publikationen/daten/schriftenreihe/agraarmaerkte-2018_lfl-schriftenreihe.pdf
3. Zhao, X., Zhong, J., Wie, C., Lin, C.-W., Ding, T., 2017. Current Perspectives on Viable but Non-culturable State in Foodborne Pathogens. *Frontiers in Microbiology*, 8, DOI: 10.3389/fmicb.2017.00580

2.4 Lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche in Deutschland – Erreger, Trends und Ursachen

Ursula Mikolajetz, Claudia Reckzeh, Petra Luber

Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, Berlin

In Deutschland werden jedes Jahr hunderte von Krankheitsausbrüchen registriert, die über mikrobiell kontaminierte Lebensmittel verursacht wurden. Die Daten zu lebensmittelbedingten Ausbrüchen werden von den Gesundheits- und Lebensmittelbehörden vor Ort erfasst und über zwei parallele Meldewege an das Robert Koch-Institut (RKI) mit dem IfSG-Meldesystem und an das BVL mit dem **B**undeseinheitlichen System zur **E**rfassung von **D**aten zu **L**ebensmitteln, die bei Krankheitsausbrüchen beteiligt sind (BELA) übermittelt.

Alle Meldungen zu lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen in Deutschland werden seit dem Jahr 2015 von BVL und RKI in einem gemeinsamen Jahresbericht zusammengestellt und auf der Homepage des BVL veröffentlicht. Weiterhin übermittelt das BVL die Daten für die Erststellung des europäischen Jahresberichts zu Krankheitsausbrüchen an die Europäische Lebensmittelsicherheitsbehörde EFSA.

Im Vortrag wird gezeigt, welche Erreger und Agentien im Jahr 2018 am häufigsten lebensmittelbedingte Krankheitsausbrüche verursachten und welche Lebensmittel an den Ausbrüchen beteiligt waren. Es wird dargestellt, an welchen Verzehrorten die Krankheitsausbrüche auftraten, wo der Ursprung des Problems lag und welche Faktoren zur Entstehung des Krankheitsausbruchs beigetragen haben. Besondere Ausbrüche werden im Detail vorgestellt und es wird auf die seit der Einführung von sequenzbasierten Typisierungsmethoden vermehrt beobachteten länderübergreifenden Krankheitsausbrüche eingegangen.

Weiterhin werden in Form einer Trendbetrachtung allgemeine Entwicklungen wie der Anstieg des Anteils der lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüche, zu welchen BELA-Meldungen erstellt wurden sowie die Fallzahlen und die vorliegende Evidenz für Ausbruchsursachen in den Jahren 2015 bis 2018 betrachtet.

Für die Ausbrüche, bei welchen die ursächlichen Lebensmittel mit hoher Evidenz ermittelt wurden, werden Analysen zeitlicher Verläufe präsentiert. Besonderes Augenmerk wird auf die Agentien *Campylobacter*, *Salmonellen*, *Bacillus cereus* und Histamin gelegt und es wird der Trend der häufigsten Erreger/Agens-Matrix-Kombinationen betrachtet.

Darüber hinaus werden für Ausbrüche, die durch selten über Lebensmittel übertragene Krankheitserreger ausgelöst wurden, wie z. B. das FSME Virus oder Ciguatoxin, Verzehrsorte, Ursprungsorte des Problems und die beitragenden Faktoren dargestellt.

2.5 Langanhaltender Krankheitsausbruch durch *S. Enteritidis* CT 1734

Anika Meinen

Robert Koch-Institut, Berlin

Epidemiologie und Mikrobiologie

Mithilfe von vergleichenden Genomsequenzanalysen am NRZ in Wernigerode konnte im Jahr 2018 ein möglicher Zusammenhang von *Salmonella Enteritidis* (SE)-Fällen aus verschiedenen Bundesländern in Deutschland sowie aus Norwegen, Frankreich, Schottland und Luxemburg aufgedeckt werden. Mit Datenstand 18.09.2019 werden nun insgesamt 298 Ausbruchsfälle aus Deutschland aus 12 verschiedenen Bundesländern zu diesem Geschehen mit SE Complexotyp (CT) 1734 gerechnet (RP: 166; SL: 37; NW: 36; HE: 14; BE: 11; BW: 9; BY: 7; NI: 7; SN: 7; SH: 2; BB: 1; HH: 1). Eine Patientin ist als an der Erkrankung verstorben übermittelt worden. Innerhalb des großen Geschehens sind bisher 32 sogenannte Erkrankungscluster bekannt geworden. Von den 298 Ausbruchsfällen sind 13 bereits im Jahr 2017, 233 im Jahr 2018 und bislang 52 Personen im Jahr 2019 erkrankt. Nachdem Anfang 2019 die Fallzahlen zunächst rückläufig waren, sind die Fallzahlen ab Woche 18 wieder angestiegen. Der letzte bislang bekannte Erkrankungsbeginn ist der 23.07.2019.

Dem Nationalen Referenzzentrum (NRZ) für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger in Wernigerode ist es gelungen, eine PCR zu entwickeln, die spezifisch für den Ausbruchsstamm ist und testet alle eingesandten SE-Isolate des Phagentypen 8 (PT8), zu dem der Ausbruchsstamm gehört, mit dieser PCR, um mögliche Ausbruchsfälle zu identifizieren. Das PCR-Protokoll befindet sich zurzeit in der Validierungsphase. Die endgültige Bestätigung eines Falles erfolgt mittels Next Generation Sequencing (NGS). Personen, deren Isolat in der PCR positiv getestet wurde, werden bis zum Vorliegen der NGS-Ergebnisse als SE CT1734-Verdachtsfälle definiert. Mit Stand 18.09.2019 sind 13 Verdachtsfälle bekannt. Der bislang letzte bekannte Erkrankungsbeginn eines Verdachtsfalles ist der 14.07.2019.

Nachweise im Lebensmittel

Aus dem Haushalt eines Ausbruchfalles aus dem LK Rhein-Lahn-Kreis in RP wurden im Jahr 2018 Eierschalenreste und Hühnerflügel mit Knochen, die aus dem Abfallbehälter entnommen wurden, positiv auf SE getestet und am NRZ als SE CT1734 bestätigt. Zwei verbliebene Eier aus derselben Packung, aus der das Ei mit der positiv getesteten Eierschale stammt, wurden negativ auf Salmonellen getestet. Es handelte sich um 10 frische Eier aus Bodenhaltung aus Deutschland mit dem Mindesthaltbarkeitsdatum (MHD) 06.12.2018. Der Ausbruchsstamm konnte nun außerdem auf Eierschalen nachgewiesen werden, die aus einer angebrochenen Packung aus einem weiteren Haushalt in RP aus dem Jahr 2019 stammen. Dabei handelt es sich um 10 frische Eier aus Bodenhaltung aus den Niederlanden mit dem MHD 19.06.2019. Eier aus derselben Packung wurden für die Zubereitung eines Tiramisu verwendet. Der Verzehr dieses Tiramisu, aus welchem der Ausbruchsstamm ebenfalls isoliert wurde, war die Infektionsquelle für Erkrankungsfälle aus zwei Bundesländern (Rheinland-Pfalz und Nordrhein-Westfalen).

Investigative Warenstromanalyse

Eine investigative Warenstromanalyse von Eiern und Eiprodukten wird mittels FoodChain-Lab am Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) ausgehend von insgesamt 15 Startpunkten (d. h. Erkrankungshäufungen mit hoher Evidenz hinsichtlich des Expositionsortes und Expositionszeitraums bzw. Einzelfälle mit detaillierten Informationen zum wahrscheinlichen Expositionsort/Einkaufsort sowie Einkaufszeitpunkt) durchgeführt. Diese 15 Startpunkte führten zu insgesamt 30 verschiedenen Eier-Erzeugerbetrieben (davon 9x in den Niederlanden, 12x in NI, 5x in NW, 2x in HE, 1x in RP, 1x in ST). Bei zwei dieser Eier-Erzeugerbetriebe in NI, die durch näher untersucht wurden, konnte der Ausbruchsstamm nachgewiesen werden. Zusätzlich wurde der Ausbruchsstamm bei einem weiteren Eier-Erzeugerbetrieb in NI nachge-

wiesen, der im Rahmen der investigativen Warenstromanalyse vorher nicht bekannt gewesen war. Eine mögliche gemeinsame Eintragsquelle des Erregers in die positiv getesteten Eier-Erzeugerbetriebe konnte allerdings trotz umfangreicher Ermittlungen der Lebensmittelüberwachung bisher nicht identifiziert werden. Von 13 Startpunkten, bei denen die Rückverfolgung abgeschlossen ist, stehen außerdem 9 in Verbindung mit derselben Packstelle in NW.

Schlussfolgerung und Bewertung der Lage

Nach Einschätzung des RKI handelt es sich bei SE CT1734 um einen epidemiologisch ursächlich verknüpften Ausbruch mit Unterausbrüchen. Alle bisherigen Erkenntnisse stärken die Hypothese, dass es sich bei dem Infektionsvehikel um Ei bzw. Ei-enthaltende Produkte handelt. Die Ausbruchsfälle können nicht alle durch den Verzehr von Eiern eines bestimmten Eier-Erzeugerbetriebes oder durch Kreuzkontamination in einer bestimmten Packstelle erklärt werden. Eine mögliche Hypothese ist, dass ein Eintrag des Ausbruchsstammes weiter vorne in der Lebensmittelkette stattgefunden hat. Da die ursächliche Quelle des Ausbruches noch nicht beseitigt werden konnte, muss mit weiteren Ausbruchsfällen gerechnet werden.

2.6 Nutzen und Grenzen der Verfolgung von Warenströmen in einem langanhaltenden Ausbruch

Marion Gottschald, Alexander Falenski, Marco Rügen, Birgit Lewicki, Isaak Gerber, Dominic Tölle, Annemarie Käsbohrer, Armin A. Weiser

Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Aufgrund der zunehmenden Globalisierung der Lebensmittelproduktion und der damit verbundenen gesteigerten Komplexität der Lieferbeziehungen werden produzierte Lebensmittel weiträumig verteilt, was die Untersuchungen von lebensmittelbedingten Ausbrüchen erschwert. Viele dieser Ausbrüche werden nur durch Whole Genome Sequencing der Isolate der Krankheitsfälle entdeckt. Da hier oft nicht direkt das verursachende Lebensmittel identifiziert werden kann, werden immer häufiger Rückverfolgungsanalysen eingesetzt, die die Suche nach der gemeinsamen Quelle der Kontamination unterstützen. Durch die Komplexität der Lieferketten gab es bisher einen großen Bedarf an einfach anzuwendenden Analysewerkzeugen zur Rückverfolgung, welche den zuständigen Behörden eine rasche und verlässliche Identifikation der Quelle eines kontaminierten Lebensmittels und somit eine schnelle Ausbruchsauflärung erlaubt. Daher entwickelte das Bundesinstitut für Risikobewertung die Software FoodChain-Lab (FCL).

FCL ist eine kostenlose Open-Source-Software. Sie ermöglicht die Vor- und Rückwärtsverfolgung von Lebensmitteln entlang komplexer Lieferketten während der Untersuchung lebensmittelbedingter Ausbrüche oder anderer Lebensmittelkrisen. FCL bietet integrierte Management-, Validierungs-, Anreicherungs- und Visualisierungswerkzeuge für Lieferdaten sowie interaktive Analysemöglichkeiten. Für jedes Produkt (Lebensmittel oder Zutat) und jede Station (z. B. Lebensmittelproduzent, Restaurant) werden Scores berechnet um die Wahrscheinlichkeit abzuschätzen, mit der das Produkt/die Station den Ausbruch verursacht. Die Software ermöglicht ebenfalls geografische Analysen und die Simulation von z. B. einer Kreuzkontamination. FCL wurde bereits in verschiedenen nationalen und EU-weiten Ausbrüchen angewendet – unter anderem kürzlich in einem langanhaltenden und noch andauernden Salmonella Enteritidis-Ausbruch. Bei diesem Ausbruch wurden Eier und eihaltige Lebensmittel durch epidemiologische Studien als mögliche Ausbruchsursachen ermittelt. Um die Quelle des Ausbruchs zu identifizieren, wurde eine Rückverfolgungsuntersuchung dieser verdächtigen Lebensmittel ausgehend von Fällen und Ausbruchsklustern vereinbart. Anhand dieses Ausbruchs sollen nun Nutzen und Grenzen der Rückverfolgungsanalyse aufgezeigt und diskutiert werden.

2.7 Hepatitis E, aktuelle Aspekte

Reimar Johne

Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Infektionen mit dem Hepatitis E-Virus (HEV) können beim Menschen zu einer akuten Leberentzündung führen. Besonders bei Personen mit Vorschädigungen der Leber kann die Erkrankung schwer verlaufen; die Mortalitätsrate wird mit 2–4 % angegeben. Darüber hinaus treten bei immunsupprimierten Transplantationspatienten chronische HEV-Infektionen auf, die zu schweren Leberzirrhosen führen können. In Deutschland nahmen die gemeldeten Hepatitis E-Fälle in den letzten Jahren stark zu, von 104 Fällen in 2008 auf 3400 Fälle in 2018. Neben diesen Erkrankungen scheint die HEV-Infektion häufig auch nur mit milden Symptomen oder völlig asymptomatisch zu verlaufen.

Der in Deutschland hauptsächlich vorkommende HEV-Genotyp 3 ist zoonotisch und infiziert neben dem Menschen auch verschiedene Tierarten. Hierbei stellen besonders Haus- und Wildschweine das Virusreservoir dar. Die Tiere infizieren sich mit HEV, ohne klinische oder pathologisch-anatomische Zeichen der Virusinfektion zu zeigen. Studien an deutschen Haus- und Wildschweinen zeigen eine weite Verbreitung der HEV-Infektion in diesen Tierarten. Aber auch bei anderen Tierarten – vor allem bei verschiedenen Wildwiederkäuern – wurden HEV-Infektionen nachgewiesen, wenngleich mit deutlich geringeren Nachweisraten.

Um das Wirtsspektrum von HEV umfassender zu untersuchen, wurden in einem kürzlich von uns durchgeführten Forschungsprojekt 244 Serumproben von 66 verschiedenen Säugetierarten aus Zoos in Deutschland auf HEV-spezifische Antikörper untersucht. Insgesamt zeigten 11,5 % der Tiere Zeichen einer durchgemachten HEV-Infektion. Neben Schweineartigen, die eine Nachweisrate von 33,3 % hatten, zeigten überraschenderweise auch Fleischfresser eine hohe Nachweisrate von 27,0 %. Weitergehende PCR-Untersuchungen sollten den hierbei beteiligten Virustyp ermitteln. Dies gelang nur in einem Fall eines Syrischen Braubären. Hierbei wurde eine Infektion mit Ratten-HEV nachgewiesen. Dieser Virustyp ist nur wenig mit den anderen HEV-Genotypen (und Genotyp 3) verwandt und wurde bis dahin nur in Ratten nachgewiesen. Kurz nach unserer Studie wurden allerdings auch zwei humane Hepatitis E-Erkrankungen in Hong-Kong und eine in Kanada beschrieben, die auf eine Infektion mit Ratten-HEV zurückzuführen waren. Das Ratten-HEV wurde ursprünglich von unserer Arbeitsgruppe in Rattenkotproben aus Hamburg entdeckt und ist in Ratten in Deutschland weit verbreitet. Weitere Studien zu möglichen humanen Infektionen mit Ratten-HEV in Deutschland erscheinen nötig, um dessen Bedeutung für humane Erkrankungen zu ermitteln.

Einen wichtigen Übertragungsweg für den HEV-Genotyp 3 stellt der Verzehr von Fleisch, Innereien und Produkten aus diesen, die aus infizierten Schweinen oder Wildschweinen hergestellt wurden, dar. Hierbei sind in der Vergangenheit vor allem ungenügend erhitzte Leber- und Rohwürste mit Anteilen roher Leber als wichtige Vehikel der HEV-Übertragung auf den Menschen identifiziert worden. Wenngleich diese Leber-enthaltenden Lebensmittel noch immer an erster Stelle der Risikoprodukte stehen, geben neuere Studien auch Hinweise auf Fleischprodukte ohne Leberanteil. Fall-Kontrollstudien aus Deutschland und den Niederlanden zeigten Zusammenhänge zwischen Hepatitis E-Erkrankungen und dem Verzehr von Brüh- und Rohwürsten aus Schweinefleisch. In deutschen Rohwürsten wurde HEV-RNA nachgewiesen. Unklar bleibt, ob die HEV-RNA bereits im infizierten Schwein im Muskelfleisch vorkommt oder erst während der Wurstherstellung, beispielsweise durch Kontamination mit HEV-haltigem Lebergewebe, in das Lebensmittel kommt. Eine neue Studie aus Frankreich an experimentell infizierten Schweinen, die eine Ko-Infektion mit dem PRRS-Virus hatten, konnten HEV-RNA im Muskelfleisch nachweisen, während eine Untersuchung derselben Arbeitsgruppe an Muskelfleisch von Schlachthöfen nur negative Resultate erbrachte. Dem gegenüber zeigen Studien aus Deutschland und Italien übereinstimmend HEV-

RNA-Nachweise in Muskelfleisch und Rohwürsten von Wildschweinen. Der RNA-Nachweis zeigt jedoch nicht zwingend das Vorliegen von infektiösem Virus an, da dieses auch während der Wurstherstellung inaktiviert worden sein könnte. Da die direkte Untersuchung der HEV-Infektiosität in Wurstprodukten noch nicht möglich ist, werden von unserer Arbeitsgruppe derzeit Untersuchungen in Pufferlösungen mittels Zellkultur durchgeführt. Hierbei konnte eine hohe Stabilität des HEV bei 4 °C und 22 °C, sowie gegenüber pH 2–9 ermittelt werden. Weitere Studien, beispielsweise zur Salz- und Trocknungsstabilität von HEV werden derzeit durchgeführt, um eine mögliche Inaktivierung während der Lebensmittel-Herstellung besser einschätzen zu können. Weitere Studien sind nötig, um das Risiko der HEV-Übertragung durch die verschiedenen Fleischprodukte bewerten zu können.

2.8 Hepatitis E virus: an investigation of within-herd transmission and factors affecting risk of infection in slaughter age pigs

S. Withenshaw, S. Grierson, B. Choudhury, R. Smith

Animal and Plant Health Agency, United Kingdom

Introduction

Human infection with Hepatitis E virus (HEV) is an increasing public health concern in Europe. The virus is endemic in parts of Asia and Africa, where genotypes 1 and 2 dominate and are transmitted between people via sewage-contaminated drinking water. HEV in Europe was previously associated with travel to endemic regions, but incidence of indigenously acquired infection has increased over the last decade due to the emergence of HEV genotype 3 (G3), which also infects pigs and is associated with zoonotic transmission (Adlhoch *et al.*, 2016).

Foodborne transmission of HEV G3 is believed to be an important route for human infection in Europe. HEV RNA has been detected in pork products (e.g. Berto *et al.*, 2012) and consuming pork products has been identified as a risk factor for infection (Said *et al.*, 2014). Efforts to reduce the risk of HEV contamination in the pork food chain have so far largely focused on developing methods for viral inactivation during processing. Measures to prevent HEV entering the food chain in the first place are also needed, but have received relatively little attention. Developing such measures requires an understanding of HEV transmission within the farm environment, which is currently lacking. Furthermore, on-farm practices that might mitigate the risk of actively infected pigs going to slaughter must be identified and investigated. Here we present the results of an on-farm pilot study that begins to address these knowledge gaps.

Methods

The HEV infection status of a cohort of pigs was followed from farrowing to pre-slaughter on an indoor English farrow-to-finish farm. The cohort comprised 153 piglets born to 11 sows. Five sampling visits took place from May–October 2018 to coincide with key management events for the cohort as follows: pre-farrowing, pre-weaning, prior to movement into grower accommodation, prior to movement into finisher accommodation, and one week prior to slaughter.

Throughout production, pigs were housed as several groups in multiple pens. Observational data collected from a UK abattoir study suggested that late mixing of finisher pigs could be a risk factor for active infection at slaughter. We therefore used coloured ear tags to identify pigs from different litters and track group mixing throughout production. At each visit, fresh faecal droppings were collected from each group and tested for HEV RNA using a qPCR. Viral shedding in faeces was used as a proxy for infection status. HEV presence was determined per group and HEV prevalence was estimated across the entire study cohort on each sampling occasion.

In addition, HEV prevalence in all growers and finishers present on the farm was estimated at each visit to investigate general trends within the herd. Environmental samples (including wildlife faeces, standing water, and swabs of farm equipment) were also tested for HEV RNA to identify potential sources of contamination in the farm environment.

Results

Prevalence across all growers was consistently high at all visits (75–87 %; Figure 1a) and always higher than in finishers (10–38 %; Figure 1b). HEV RNA was detected in 43/67 environmental samples and was found in all production areas (farrowing, weaner, grower, and finisher accommodation), including a cleaned, unoccupied pen.

HEV prevalence in the study cohort fluctuated over time (Figure 1c). HEV was not detected in any sow sampled pre- or post-farrowing, nor in any litter sampled just prior to weaning. After weaning, the cohort was sorted into seven groups of ~30 pigs and placed into weaner accommodation. Seven weeks later, HEV prevalence in the cohort was 26 % but HEV was only present in 2/7 groups.

The cohort was subsequently sorted into two larger groups of approximately 60 and 100 pigs and housed in grower accommodation. After six weeks, HEV was present in both groups and prevalence across the cohort was 100 % (Figure 1c). The larger group subsequently retained a stable composition for the remainder of the fattening period, and prevalence fell to 23 % when sampled one week prior to slaughter.

Pigs in the smaller group were sent to slaughter before they could be sampled as finishers, therefore a comparison of HEV presence between study cohort finisher groups was not possible. However, prevalence in the remaining cohort group was generally lower than prevalence in the non-cohort finisher buildings, where pigs had experienced a greater degree of late-stage mixing.

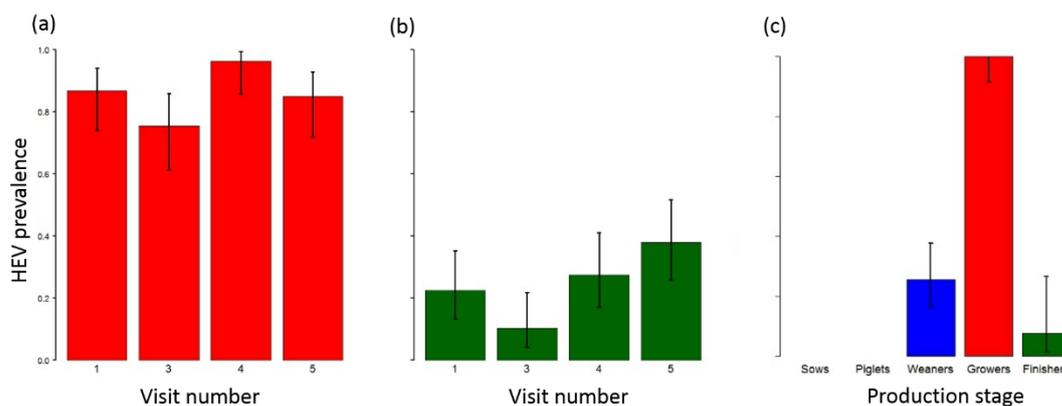


Figure 1: Prevalence of HEV RNA in faeces from (a) growers (b) finishers and (c) the study batch.

Conclusion

The results suggest that HEV infection was persistent in this pig herd, and that contamination of the farm environment was widespread. Preventing infection in the herd completely is therefore unlikely to be a viable option for control.

HEV RNA was not detected in any sow faeces, either because they are not infected or they are infected but not shedding detectable levels of virus. Future studies will incorporate sampling of blood and other tissues to disentangle these mechanisms.

HEV RNA was first detected in the study cohort at the weaner stage. Infection may have therefore first entered the cohort after weaning, possibly after maternal antibodies had waned. However, latent infection in younger pigs is also possible, if maternal antibodies suppress viral shedding in faeces. HEV was not detected in all weaner groups. This variation may be linked to age at weaning or degree of mixing when weaned.

HEV appeared to rapidly spread through the cohort once introduced. All samples were positive by the end of grower stage. Only one group was available for sampling as finishers. This group had not experienced further mixing since leaving the weaner unit and HEV prevalence fell considerably by one week prior to slaughter. In contrast, other (non-cohort) finishers on

the farm had experienced a greater degree of mixing as growers/finishers and prevalence in these pigs tended to be higher. This suggests that minimising group mixing between weaning and slaughter, especially in the latter part of the finishing period, may reduce the risk of active HEV infection and viraemia at slaughter.

Our study highlights that several factors are likely to contribute to the overall risk of active HEV infection in slaughter pigs, including biological processes that mediate within-pig infection dynamics (e.g. presence of maternal antibodies) alongside management practices on farm that might influence exposure to infection during primary production (e.g. timing and degree of group mixing). The results from this study will inform further multi-farm investigations of HEV epidemiology in pig herds and the use of herd management strategies for limiting entry of swine-associated HEV to the human food chain.

References

1. Adlhoch, C. *et al.* (2016). Hepatitis E virus: Assessment of the epidemiological situation in humans in Europe, 2014/15. *J Clin Virology*, 82, 9–16.
2. Berto, A. *et al.* (2012). Hepatitis E virus in pork food chain, United Kingdom, 2009–2010. *Emerg Inf Dis*, 18, 1358–1360.
3. Said, B. *et al.* (2014). Hepatitis E virus in England and Wales: indigenous infection is associated with the consumption of processed pork products. *Epid & Inf*, 142, 1467–1475.

Please note: This work was previously presented at the 13th SafePork Conference held at Langenbeck-Virchow-Haus, Berlin (26–29 August 2019) and this abstract was included in the Safepork 2019 Conference Proceedings.

2.9 Hepatitis A Erkrankungen durch Datteln unter Reiserückkehrern aus Marokko

Kai Michaelis¹, Durdica Marosevic², Carina Helmeke³, Jürgen Wenzel⁴, Martyna Gassowski¹

¹ Robert Koch-Institut, Berlin

² Bayerisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, Oberschleißheim

³ Landesamt für Verbraucherschutz Sachsen-Anhalt, Magdeburg

⁴ Konsiliarlaboratorium für HAV und HEV, Regensburg

Hintergrund

Hepatitis A (HepA) ist eine durch das Hepatitis A Virus (HAV) ausgelöste Lebererkrankung, die nach dem Infektionsschutzgesetz (IfSG) meldepflichtig ist (Labornachweis, Erkrankung, Krankheitsverdacht und Tod). Das Virus wird fäkal-oral übertragen und der Mensch ist das einzige Reservoir für HAV.

Ein relativ hoher Anteil der HepA Erkrankungen in Deutschland tritt unter Reiserückkehrern auf: Mehr als ein Drittel der an das Robert Koch-Institut (RKI) übermittelten Fälle ist wahrscheinlich auf eine Infektion während einer Reise zurückzuführen. Bei Reisen in Gebiete mit einer hohen HepA Inzidenz empfiehlt die Ständige Impfkommission (STIKO) zum Schutz vor einer HAV Infektion eine Immunisierung gegen HepA.

Neben der direkten Übertragung durch Kontakt- und Schmierinfektionen (Mensch-zu-Mensch) ist die indirekte Übertragung über kontaminierte Lebensmittel von großer Relevanz. Die Kontamination von Lebensmitteln tritt vornehmlich bei Produkten aus Regionen mit schwierigen hygienischen Lebensverhältnissen insbesondere bei rückständiger Trink- und Abwasserversorgung auf. Fäkale Verunreinigungen über Abwässer sind bei der Produktion von Obst, Gemüse, Salaten oder Meerwasser-filtrierenden Organismen wie Austern oder Muscheln in endemischen HAV-Gebieten oftmals die wahrscheinlichste Kontaminationsquelle der angebauten Lebensmittel.

Der Viruserreger zeichnet sich durch eine hohe Umweltstabilität, Thermo- und Desinfektionsmittelresistenz aus. Zudem reichen bereits sehr geringe Mengen an Viruspartikeln aus, um eine Infektion zu verursachen.

Im Zusammenhang einer Fallzahlhäufung unter Reiserückkehrern aus Marokko initiierten wir eine Ausbruchsuntersuchung.

Methoden und Ergebnisse

Im Frühjahr 2018 wurde über die an das RKI übermittelten Fallzahlen eine Häufung von HepA unter Reiserückkehrern aus Marokko detektiert, die über den durchschnittlichen Fallzahlen des entsprechenden Vergleichszeitraums der zurückliegenden 5-Jahresperiode lag. Im Rahmen der Ausbruchsuntersuchung wurden Patienten über ihre Aufenthaltsorte in Marokko, vor Ort verzehrte Lebensmittel und Angaben zur HepA Impfung befragt. Zudem wurde aus Patientenproben gewonnenes Erregermaterial am Konsiliarlabor für HAV/HEV typisiert und die genetische Identität der Erreger verglichen.

Über eine Fall-Kontroll-Studie mit anderen Reiserückkehrern aus Marokko, die nicht an HepA erkrankt waren, ergab sich eine signifikante Assoziation für den Verzehr von Datteln (OR=11,3 [95 %KI 1,5–125,6]). Alle erkrankten Reiserückkehrer hielten sich in Marrakesch und der näheren Umgebung auf. Die molekularen Typisierungen ergaben übereinstimmende Nukleotidsequenzen für die untersuchten HAV-Proben.

Im Austausch über das „Epidemic Intelligence Information System (EPIS)“ am „European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC)“ wurden weitere Fälle in Frankreich, den Niederlanden, Schweden und dem Vereinigten Königreich identifiziert, die zu dem Cluster

gehören (n = 18). Außerdem wurden über die molekulare Surveillance weitere, autochthone Fälle in Deutschland zugeordnet, die selbst nicht nach Marokko gereist waren, jedoch Datteln von Reiserückkehrern aus Marokko verzehrt hatten (n = 9).

Die Ergebnisse der Ausbruchsuntersuchung ergeben im Gesamtbild eine deutliche Evidenz für HAV-kontaminierte Datteln als Ursache für die beobachteten HepA Erkrankungen. Die Auswertung der Angaben zum Impfverhalten ergab, dass den meisten Fällen (85 %) das Risiko für HepA in Marokko nicht bekannt war. Eine ablehnende Haltung zu einer HepA Impfung führte bei 10 % der Fälle zu einem fehlenden Schutz auf der Marokkoreise.

Schlussfolgerung

Über kontaminierte Datteln kann HAV übertragen werden; dieses Risiko sollte bei Lebensmittelkontrollen von importierten Produkten entsprechend berücksichtigt werden. Reisende nach Marokko (und weitere Endemiegebiete für HAV) sollten sich vor ihrer Reise umfassend über Infektionsrisiken und Schutzmaßnahmen (z. B. Impfungen) informieren. Mitgebrachte Lebensmittel von Reisenden können bei der Weitergabe an Bekannte ein Infektionsrisiko darstellen, dessen sich diese mitunter nicht unbedingt bewusst sind.

2.10 Economic evaluation of freezing meat and improving biosecurity on pig farms to reduce toxoplasmosis

Anita Suijkerbuijk

Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu, Nederlande

Disease burden of toxoplasmosis

Toxoplasma gondii infections cause a large disease burden in the Netherlands, with an estimated health loss of 1,900 Disability Adjusted Life Years (DALYs) and a cost-of-illness estimated at €44 million annually. Infections in humans occur via exposure to oocysts in the environment and after eating undercooked meat containing tissue cysts, leading to asymptomatic or mild symptoms, but potentially leading to the development of ocular toxoplasmosis. Infection in pregnant women can lead to stillbirth and disorders in newborns.

Prevention

At present in the Netherlands, prevention is only targeted at pregnant women. Freezing of meat destined for undercooked consumption, and enhancing biosecurity in pig husbandries are possible other interventions to prevent toxoplasmosis. Putting these interventions into practice would expectedly reduce the number of infections; however, the net benefits for society are unknown. Stakeholders bearing the costs for these interventions will not necessarily coincide with the ones having the benefits.

Social Cost-Benefit Analysis

We performed a Social Cost-Benefit Analysis (SCBA) to evaluate the net value of two potential interventions for the Dutch society. We assessed the costs and benefits of the two interventions and compared them with the current practice of education during pregnancy. In an SCBA, costs and benefits of societal domains affected by the interventions are identified, making explicit which stakeholder pays and who benefits. If the balance of total costs and benefits is positive, this will lend support to implementation of these preventive interventions at the societal level. Moreover, it can provide guidance to policy makers on the most optimal intervention measures to reduce the disease burden of *T. gondii* in the Netherlands.

Methods

The stakeholders included in this SCBA were consumers (meat consumers, general population at risk for toxoplasmosis), producers (farmers, slaughterhouses, freezing companies, meat processing industry, retailers), and government (including health care and special education). To identify relevant high-risk meat products that are eaten undercooked, a quantitative microbial risk assessment model was developed to attribute predicted *T. gondii* infections to specific meat products. In addition, serological monitoring of pigs at slaughter was evaluated followed by an audit and tailor made advice for farmers in case positive results were found. Freezing and thawing of meat will result in safer meat but might impact the physical quality of meat (e.g. moisture loss, and changes in color, and pH) potentially influencing consumers' attitudes. Preference of meat consumers for different attributes of frozen meat were therefore studied in a Discrete Choice Experiment (DCE). The benefits were modelled stochastically as reduction in DALYs and were monetised in euro's following reference prices for DALYs. A 'minimum scenario' and a 'maximum scenario' was assumed, using input parameters with least benefits to society and input parameters with most benefits to society, respectively. For both interventions, we performed different scenario analyses.

Results

The freezing meat intervention was far more effective than the biosecurity intervention. Despite high freezing costs, freezing two meat products: steak tartare and mutton leg yielded net social benefits in both the minimum and maximum scenario, ranging from €10.6 million to €31 million for steak tartare and €0.6 million to €1.5 million for mutton leg. The biosecurity

intervention would result in net costs in all scenarios ranging from €1 million to €2.5 million, due to high intervention costs and limited benefits. From a public health perspective (i.e. reducing the burden of toxoplasmosis) and the societal perspective (i.e. a net benefit for the Dutch society) freezing steak tartare and leg of mutton is to be considered.

2.11 FRESIL: Früherkennung Sicherheit der Lebensmittel

Thomas Lüthi, Françoise Fridez, Cornelia Wagner

Bundesamt für Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen (BLV), Schweiz

Um die Lebensmittelsicherheit langfristig sicherzustellen und Betrug zu verhindern, identifiziert das BLV neu auftretende Gefahren für die Gesundheit der Schweizer Bevölkerung. Eine solche Früherkennung ermöglicht, rechtzeitig Gegenmaßnahmen zu ergreifen.

Konzeption

Die Früherkennung Sicherheit der Lebensmittel («FRESIL») des BLV hat zum Ziel, potenzielle Gefahren für die Gesundheit der Konsumentinnen und Konsumenten bei Lebensmitteln und Bedarfsgegenständen frühzeitig zu identifizieren, zu beurteilen und daraus Maßnahmen abzuleiten. Bei der Umsetzung der FRESIL zieht das BLV Betrug und Täuschung, mikrobiologische, chemische sowie ernährungsbedingte Gefahren und Risiken mit ein.

Ohne Information ist Früherkennung nicht möglich. Die Früherkennung Sicherheit der Lebensmittel berücksichtigt retrospektive und prospektive Informationen. Retrospektiv meint dabei die Analyse vorhandener Daten und Zeitreihen, aber auch die gezielte Analyse konkreter Vorkommnisse. Dagegen zielt die Analyse prospektiver Informationen darauf ab, mögliche zukünftige Entwicklungen zu identifizieren und deren Auswirkungen auf das Gesundheits- und Betrugsrisiko zu beurteilen. Beide Betrachtungen können von Personen innerhalb (oder außerhalb) des BLV wahrgenommen werden. Solcherart tätige **Personen sind Seismographen der Früherkennung**; sie werden in dieser Konzeption als «**Seismo**» bezeichnet.

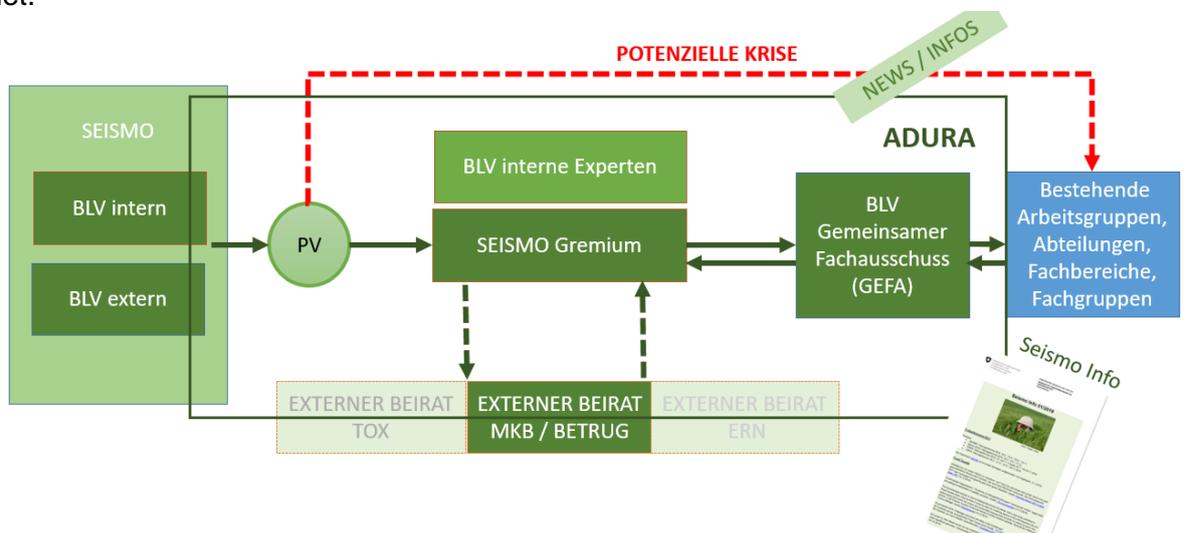


Abbildung 1: Konzeption der Früherkennung Sicherheit der Lebensmittel (FRESIL).
PV: Prozessverantwortliche Person.

Alle *Seismo* bilden zusammen das *Seismo-Gremium*. Dieses kann einen **Beirat**, der aus externen Fachpersonen aus Wirtschaft, Hochschulen und dem Vollzug besteht, zu einer Einschätzung zu den eingebrachten Informationen konsultieren. Das *Seismo-Gremium* diskutiert und bewertet die als Signale bezeichneten Informationen. Es schlägt in der Folge dem **gemeinsamen Fachausschuss** («GEFA»), der aus den Entscheidungsträgern der Risikobewertung und des Risikomanagements des BLV besteht, Maßnahmen vor. Gemäß Auftrag des GEFA bearbeitet die Risikobeurteilung, das Risikomanagement und/oder die Risikokommunikation in der Folge diese identifizierten Brennpunkte.

Solche Informationen werden vom BLV in einer Datenbank, genannt ADURA (www.adura.blv.admin.ch) zusammengefasst. Diese Datenbank kann von Fachpersonen von Bund und Kantonen, teilweise aber auch von der Öffentlichkeit eingesehen werden. Weitergehende Informationen finden sich auf der Webseite des BLV (www.blv.admin.ch) unter der Rubrik «Früherkennung Sicherheit der Lebensmittel».

Die Früherkennung Sicherheit der Lebensmittel umfasst eine Vielzahl von Themen und Fragestellungen. Aus diesem Grund werden **Kooperationen** mit anderen Behörden und Organisationen, innerhalb und außerhalb des BLV, national und international aktiv angestrebt. So nimmt das BLV etwa bei Besprechungen des **Emerging Risks Expert Network (EREN)** der Europäischen Lebensmittelsicherheitsbehörde (EFSA) als Beobachter teil.

Ergebnisse

FRESIL stützt sich auf den **Input** von verschiedensten Quellen. Datenbanken und Journalpublikationen werden genauso täglich gescannt wie abonnierte Newsletter, Social Media, und Pressemitteilungen, um potenzielle Gefahren schnellstmöglich zu erkennen.

Für die Verarbeitung dieser Informationen als **Output** sind verschiedene Optionen möglich. Der einfachste Output besteht darin, ein Signal nicht weiterzuverfolgen oder zurückzustellen. Signale, die weiterverfolgt werden müssen, teilt der GEFA den Bereichen Risikobeurteilung, Risikomanagement oder Risikokommunikation zu.

Seit Anfang 2018 hat FRESIL über 80 Meldungen der *Seismo* erfasst, beurteilt und weitergeleitet. Aus diesen wurden 20 als Signale eingestuft und durch das BLV weiterbearbeitet. So wurden beispielsweise Forschungsarbeiten zu Shigatoxinbildenden *E. coli* (STEC) in Mehl oder *Echinococcus* spp. ausgelöst. Im Bereich Hepatitis E (HEV) wurden ebenfalls mehrere Projekte initiiert. Zudem finden sich momentan über 40 öffentlich sichtbare Einträge auf der Datenbank ADURA und über 500 Meldungen wurden über den Newsletter *Seismo* INFO an die *Seismo* sowie Interessierte verteilt.

Informationen, die direkt an Interessengruppen weitergeleitet werden, werden in zwei Kategorien unterteilt: INFO («nice to know») und NEWS («need to know»). Dabei handelt es sich um Informationen, die von allgemeinem Interesse für die tägliche Arbeit sein können, und Informationen, die weder als «emerging» noch «early» zu bezeichnen sind, dennoch aber einen gewissen Informationsgehalt, Dringlichkeit und Wichtigkeit für das Risikomanagement haben könnten. Seit September 2017 wurden über 200 solcher Meldungen weitergeleitet.

Ausblick

Die Strategie zur Früherkennung soll weiterentwickelt werden um mögliche Gefahren in Zukunft noch effektiver erfassen zu können. Dabei stellen sich dem BLV mehrere Herausforderungen:

In der großen Menge von Daten, die täglich international erfasst werden, ist es schwierig, diejenigen Signale aufzugreifen, die tatsächlich von Relevanz sind. Aber nicht nur die **Selektion potenzieller Signale** stellt eine Herausforderung dar, sondern auch deren **Bewertung**. Dies sollte zum einen schnellstmöglich geschehen, zum anderen aber auch akkurat bleiben um entsprechende Maßnahmen definieren zu können. Wie diese Selektion von Informationen aus der Informationsflut und das «Unbekannte» bestmöglich erfasst werden kann, gilt es in Zukunft zu ermitteln. Entsprechende Forschungsarbeiten sind hierzu geplant.

Das BLV hat es sich zum Ziel gesetzt, seine Methodik und Werkzeuge weiter zu optimieren, um die Spezifität und Zuverlässigkeit der erfassten Signale noch weiter zu erhöhen.

2.12 Das One Health EJP Glossar – eine web-basierte Lösung zur Unterstützung der sektorübergreifenden Kommunikation im One Health Bereich

Tasja Buschhardt, Taras Günther, Matthias Filter

Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Einleitung und Zielstellung

Die Entwicklung effektiver Lösungsansätze zur Bewältigung bestehender und zukünftiger Bedrohungen durch Zoonosen und Antibiotikaresistenzen bedingt eine interdisziplinäre, integrative und internationale Arbeitsweise. Dieser Erkenntnis trägt das H2020-geförderte Forschungsprojekt „*One Health European Joint Programme (OHEJP)*“ Rechnung, indem es u. a. die sektorenübergreifende und transdisziplinäre Zusammenarbeit zwischen nationalen und internationale Einrichtungen im One Health (OH) Bereich stärkt.

Eine wichtige Erkenntnis der bisherigen Projektarbeit ist, dass auch heutzutage die effiziente sektorübergreifende Zusammenarbeit durch die Vielzahl sektorspezifischer Begriffsdefinitionen und Begriffsinterpretationen erschwert wird. Um die zukünftige Kommunikation und Zusammenarbeit zwischen den verschiedenen OH Sektoren und Fachdisziplinen zu verbessern, wurde im Rahmen des EJP Projekts ORION in Zusammenarbeit mit den EJP Projekten NOVA und COHESIVE das sogenannte OHEJP Glossar erarbeitet und als web-basierte Ressource bereitgestellt. Übergeordnetes Ziel dieser Entwicklung war es, eine Lösung zu schaffen, die Gemeinsamkeiten und Unterschiede in der Definition von Begriffen innerhalb und zwischen den Sektoren „Public Health“, „Food Safety“ und „Animal Health“ aufzeigt. Der Ansatz der Entwicklung „harmonisierter“ sektorübergreifender Definitionen wurde hingegen als wenig erfolgsversprechend eingestuft und daher nicht verfolgt.

Material und Methoden

Der Aufbau des OHEJP Glossars erfolgte in vier Arbeitsschritten: 1) Auswahl relevanter englischer OH Begriffe und Erfassung jeweiliger Definitionen in den drei betrachteten Sektoren, 2) Sichten und Überprüfen der Begriffe und der jeweiligen Definitionen durch OH Experten, 3) Entwicklung einer web-basierten Softwarelösung zur elektronischen Bereitstellung des OHEJP Glossars für Endnutzer, sowie 4) Etablierung einer technischen Lösung zur Aktualisierungen und Pflege des OHEJP Glossars für die Glossar-Kuratoren. Für die Arbeitsschritte eins und zwei wurden Arbeitsgruppen mit Fachexperten aus allen beteiligten Sektoren gebildet, die in mehreren Zyklen die Inhalte des Glossars zusammenstellten und überprüften. Die Definitionen der erfassten Begriffe wurden – soweit möglich – von öffentlich zugänglichen Ressourcen der Europäischen Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA), des Europäischen Zentrums für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC) oder der Weltorganisation für Tiergesundheit (OIE) übernommen. Für den Arbeitsschritt drei wurde ein sogenanntes „Virtual Research Environment“ angepasst und eingesetzt, das im Rahmen des AGINFRA+ Projekts (<http://plus.aginfra.eu>) bereitgestellt und an die spezifischen Bedürfnisse des OHEJP Glossars angepasst wurde. Die technischen Ressourcen zur langfristigen Pflege und Aktualisierung des OHEJP Glossars wurden unter Nutzung der Open Source Software KNIME (Berthold *et al.*, 2008) und der KNIME Server Technologie (www.knime.org) aufgebaut.

Ergebnisse

Das OHEJP Glossar ist über die URL: <https://aginfra.d4science.org/web/orionknowledgehub/catalogue> oder über den ORION KnowledgeHub <https://orion.onehealthejp.eu/> öffentlich zugänglich. Es umfasst aktuell über 800 englische Einträge inklusive jeweiliger Definitionen, die im Kontext von One Health relevant sind. Alle Glossareinträge wurden von Fachexperten den jeweiligen OH Sektoren zugeordnet, sodass die Nutzer des Glossars die Begriffe leicht über entsprechende „Tags“ nach Sektoren filtern können. Des Weiteren weisen viele Glossareinträge auch zusätzliche Tags zu anderen relevanten Kategorien auf und sind z. B. als

„Regulatory“ oder „Epidemiology“ gekennzeichnet. Ein besonderes Merkmal aller Glossareinträge ist, dass diese neben der Definition auch die korrekte Quellenangabe und einen eindeutigen „Uniform Resource Identifier“ (URI) verfügen. D. h. es ist möglich, spezifisch auf jeden einzelnen Glossareintrag per Hyperlink zu referenzieren. Außerdem bietet das OHEJP Glossar eine Volltext-Suche und eine integrierte Softwareschnittstelle an, so dass der Inhalt maschinenlesbar ist.

Diskussion

Die Identifikation und Bereitstellung „offizieller“ Definitionen ist in vielen Fällen immer noch eine Herausforderung. So konnten viele Definitionen nur manuell aus Berichten, Richtlinien oder Rechtsvorschriften entnommen werden. Dieser erschwerte Zugang zu bereits vorhandenen offiziellen Definitionen unterstreicht die Notwendigkeit des entwickelten OHEJP Glossars. Mit der nun verfügbaren web-basierten Lösung besteht erstmals die Möglichkeit, allen Stakeholdern sektorspezifische und sektorübergreifende OH Begriffsdefinitionen bereitzustellen und sogar als FAIR (Findable, Accessible, Interoperable, Reusable) data (Wilkinson *et al.*, 2016) verfügbar zu machen.

Ausblick

Das OHEJP Glossar ist ein „lebendiges Dokument“, das im Laufe des One Health EJP Projekts kontinuierlich weiter entwickelt und ausgebaut wird. Die Bemühungen der EJP Projekte ORION, COHESIVE und NOVA werden dabei von externen Stakeholdern, wie EFSA und ECDC, unterstützt.

Danksagung

Die Entwicklung des One Health EJP Glossars erfolgte im Rahmen des europäischen „Horizon 2020 research and innovation programme“ geförderten Projekts „One Health EJP“ (Zuwendungsnummer 773830). Die technische Plattform des OHEJP Glossars wird über das Horizon 2020 geförderte Projekt „AGINFRA PLUS“ (Zuwendungsnummer: 731001) bereitgestellt. Die im OHEJP Glossar bereitgestellten Inhalte sind das Ergebnis einer intensiven Zusammenarbeit zwischen den One Health EJP Projekten ORION, COHESIVE und NOVA.

Literatur

1. Berthold, M. R., Cebon, N., Dill, F., Gabriel, T. R., Kötter, T., Meinel, T., . . . Wiswedel, B. (2008, 2008//). KNIME: The Konstanz Information Miner. Paper presented at the Data Analysis, Machine Learning and Applications, Berlin, Heidelberg.
2. Wilkinson, M. D., Dumontier, M., Aalbersberg, I. J., Appleton, G., Axton, M., Baak, A., . . . Mons, B. (2016). Comment: The FAIR Guiding Principles for scientific data management and stewardship. *Scientific Data*, 3. doi:UNSP 160018 10.1038/sdata.2016.18

2.13 *Campylobacter* bei Geflügel im Zoonosen-Monitoring

Kerstin Stingl, Christiane Buhler, Marie-Theres Knüver, Maja Thieck, Bernd-Alois Tenhagen, Katja Alt

Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Campylobacter ist seit 2005 der häufigste bakterielle Auslöser von Durchfallerkrankungen in Deutschland und Europa. Akute Symptome beinhalten wässrigen und blutigen Durchfall, Krämpfe und Fieber. In ca. 1 von 1000 akuten Infektionen kann eine Autoimmunerkrankung, das sogenannte Guillain-Barré Syndrom, auftreten, bei dem es zu Lähmungserscheinungen kommt. Die wichtigste Quelle von *Campylobacter*-Infektionen stellt frisches Hähnchenfleisch dar, welches ungenügend durchgegart ist oder bei der Verarbeitung zu einer Kreuzkontamination des Keims auf verzehrfertige Lebensmittel führt. Die meisten *Campylobacter*-Erkrankungen sind selbstlimitierend, aber in ca. 30 % der Fälle werden Antibiotika, insbesondere (Fluor-)chinolone und Makrolide zur Behandlung eingesetzt.

Campylobacter kolonisieren den Darm der meisten warmblütigen Tiere, lösen im Tier aber in der Regel keine Symptome aus. Dabei ist die Prävalenz in Rindern, Schweinen und Geflügel in den letzten Jahren ähnlich hoch. Anders sieht es auf dem Fleisch aus. Hier gelangt der Keim vor allem bei Geflügel durch den Schlachtprozess auf die Oberfläche des Schlachtkörpers und stellt dann im Fleisch ein Risiko für den Verbraucher dar. Da vor allem Hähnchenfleisch als wichtigste Quelle der *Campylobacter*iose gesehen wird, ist ein Prozesshygienekriterium nach VO (EG) Nr. 2073/2005 seit Januar 2018 europaweit in Kraft, welches den Anteil an Schlachtkörpern mit einer Kontamination über 1000 KbE/g Halshaut an Maßnahmen bindet, die durch den Lebensmittelunternehmer getroffen werden. Die Zoonosen-Monitoring-Daten zeigen, dass das derzeit geltende, relativ weiche Kriterium (bis 2020: >1000 KbE/g in 40 % Halshautproben) in den repräsentativen deutschen Proben im Mittel eingehalten wird, allerdings wird auch deutlich, dass sich die Kontamination seit 2008 nicht verringert hat. Weitere Anstrengungen sind notwendig, um die Belastung von *Campylobacter* auf Hühnerfleisch zu reduzieren. Dazu sind eine Reihe von Maßnahmen entlang der gesamten Lebensmittelkette Masthähnchen zu intensivieren, da der Keim bislang nicht durch eine einzige Maßnahme sicher zu reduzieren ist.

Im Rahmen von Forschungsprojekten konnten wir am Nationalen Referenzlabor für *Campylobacter* eine qPCR mit Unterscheidung von lebenden und toten *Campylobacter* spp. entwickeln, die gerade gemäß ISO 16140-2 in einem internationalen Ringversuch validiert wird. Diese kultivierungsunabhängige Methode ist weniger anfällig gegenüber der Detektion von transient inaktiven, gestressten *Campylobacter* und könnte in der Zukunft zu einer schnelleren und verbesserten Quantifizierung der Keime auf Lebensmitteln, aber auch zur Aufdeckung noch unbekannter Transmissionswege des Keims führen.

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings bestimmt das Nationale Referenzlabor für *Campylobacter* auch regelmäßig minimale Hemmkonzentrationen der *Campylobacter*-Isolate gegenüber antimikrobiell wirksamen Substanzen. Dabei zeigt sich immer wieder, dass die Spezies *Campylobacter coli* deutlich resistenter als *Campylobacter jejuni* aus gleichen Matrices ist. *Campylobacter coli* scheint damit als Frühwarn-Indikatorkeim für das Auftreten von Antibiotikaresistenzen geeignet zu sein. Generell ist die Kombination an Resistenz gegenüber (Fluor-)chinolonen und Tetracyklin das vorherrschende Resistenzprofil bei *Campylobacter* spp., während die Resistenzen gegenüber Makroliden und Aminoglykosiden in Deutschland moderat bis gering sind.

2.14 Campylobacter auf Eiern

Ute Messelhäuser

Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, Oberschleißheim

Zum Redaktionsschluss lag kein Abstract vor.

2.15 Prävention und Bekämpfung von Campylobacter-Infektionen: Ein "One Health"-Ansatz

Thomas Alter¹, Stefan Bereswill² für das PAC-Campylobacter-Konsortium

¹ Institut für Lebensmittelsicherheit und -hygiene, Freie Universität Berlin

² Institut für Mikrobiologie und Infektionsimmunologie, Charité – Universitätsmedizin Berlin

Die zunehmende Zahl der bei den Gesundheitsbehörden gemeldeten Fälle der Campylobacteriosen beim Menschen verdeutlicht die Notwendigkeit der Entwicklung neuer Strategien zur Prävention, Kontrolle und Therapie von Campylobacter-Infektionen.

Im Rahmen der Förderrichtlinie des „Nationalen Forschungsnetzes zoonotische Infektionskrankheiten – Modul 1: Forschungsverbünde zoonotische Infektionskrankheiten“ des Bundesministeriums für Bildung und Forschung wurde ein Konsortiums Antrag unter Beteiligung der FU Berlin, der Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover, dem Bundesinstitut für Risikobewertung, der Charité – Universitätsmedizin Berlin, der Friedrich-Alexander-Universität Erlangen-Nürnberg, dem Robert Koch-Institut und der Lohmann & Co. AG zur Prävention und Bekämpfung von Campylobacter-Infektionen seit dem Jahr 2017 gefördert.

Entsprechend des One-Health-Konzepts ist es das Gesamtziel des Forschungskonsortiums, die Belastung von Lebensmitteln mit Campylobacter und die Inzidenz von Campylobacter-Infektionen beim Menschen zu reduzieren.

Um dies zu erreichen, ist dieses Konsortium in vier Forschungskomplexe unterteilt:

- A. Verbesserung der Interventionsstrategien
- B. Neue therapeutische Ansätze und Bakterien-Wirt-Interaktionen
- C. Innovationen in der Diagnostik
- D. Erfassung der Strategien von Campylobacter bzgl. des Überlebens außerhalb der Wirtsorganismen

Forschungskomplex A. Interventionsstrategien

Da die Mehrzahl der Campylobacteriose-Infektionen mit dem Verzehr oder dem Umgang mit kontaminiertem Hühnerfleisch assoziiert ist, konzentriert sich das Forschungskonsortium auf die Geflügelproduktionskette.

In der ersten Projektphase wurden die Arbeiten auf *in vitro*-Analysen und die Durchführung von Tierversuchen konzentriert, um verschiedene neue Kontroll- und Reduktionsmaßnahmen (v. a. in der Primärproduktion) zu entwickeln und deren Effizienz zu prüfen. Im Rahmen dieser intensiven Forschungsarbeiten wurde eine umfassende Sammlung von neuen Maßnahmen und innovativen Produkten zur Reduktion von Campylobacter in der Lebensmittelkette nach den Kriterien der Effektivität und Praxistauglichkeit erarbeitet und vergleichend evaluiert.

Im Detail wurden basierend auf den Ergebnissen der *in vitro*-Untersuchungen sechs unterschiedliche Säurecocktails zusammengestellt und deren antibakterielle Wirksamkeit mittels der Bouillon-Mikrodilutionsmethode ermittelt.

Weiterhin wurden insgesamt 35 Campylobacter-Bakteriophagen neu isoliert, molekular charakterisiert und zu gebrauchsfertigen Biologika weiterentwickelt. Diese stehen für eine praktische Anwendung zur Senkung der Campylobacter-Konzentration in der Tierhaltung und entlang der Lebensmittelproduktionskette zur Verfügung.

Um die Verfügbarkeit von Bakteriozinen zur Bekämpfung von *Campylobacter* zu verbessern, wurden 180 Bakterienisolate auf eine mögliche Bildung von hemmenden Substanzen gegen *Campylobacter* untersucht.

Ein *Campylobacter*-Seederbird-Modell im Huhn wurde etabliert und mit dem Einsatz von Colistin und Carvacrol bzgl. der Senkung der Kolonisation von *Campylobacter* auf praxisnahen Einsatz hin evaluiert bzw. optimiert.

Forschungskomplex B. Therapeutische Ansätze/Bakterien-Wirt-Interaktionen

Um die Pathogen-Wirts-Interaktionen, die physiologische Kolisationsresistenz, die Kolonisation ohne klinische Symptome und die Infektion mit klinischer Symptomatik besser zu verstehen, ist es notwendig, die Wechselwirkungen des Erregers mit dem Darmmikrobiom, der zellulären Antwort und der Immunmodulation auf der Wirtsseite zu untersuchen.

Um neue Substanzen für die Prophylaxe und Therapie der *Campylobacteriose* beim Menschen zu identifizieren, wurden Experimente in murinen Tiermodellen mit *in vitro*-Analysen kombiniert. Die Ergebnisse zeigen, dass die nichttoxischen Moleküle Carvacrol, Vitamin C, Resveratrol, Curcumin und Vitamin D die Symptome und Entzündungsreaktionen im Rahmen der *Campylobacteriose* im klinischen Mausmodell signifikant vermindern. Durch Kombination mit *in vitro*-Analysen konnten mechanistisch Wirkungen wie die Stärkung der Darmbarriere, die Hemmung der Darmkolonisation sowie die Verminderung der Zellinvasivität nachgewiesen werden.

Forschungskomplex C. Diagnostik

Zur Verbesserung von Ausbruchsuntersuchungen und Source-attribution-Modellen (die bisher auf der Basis von MLST-Daten erstellt wurden) wurden im Projekt bisher Ganzgenomsequenzen von *C. jejuni*, die aus verschiedenen Wirten und der Umwelt isoliert wurden, verglichen, um genomische Signaturen für die Wirtsspezifität zu identifizieren. Auf der Grundlage der Sequenzierung von 330 *C. jejuni*-Stämmen konnten sowohl die Core- und Accessory-Genome als auch die wirtsspezifischen Genom-Cluster ermittelt werden. Außerdem wurde durch eine k-mer basierte Genom-weite Assoziationsstudie eine Liste der wirtsspezifischen *Campylobacter*-Gene erstellt, die aktuell weiter ausgewertet und validiert wird. Weiterhin wurde die Methodik der PCR-basierten Detektion von nicht mehr kultivierbaren, aber noch intakten Zellen (VBNC) von *Campylobacter* intensiv genutzt und weiterentwickelt. So wurde die Technik in enger Zusammenarbeit mit den Partnern in den Schwerpunktbereichen A und C genutzt, um Fragestellungen zur Infektiosität der in Stall und Umwelt gefundenen *Campylobacter* zu adressieren.

Forschungskomplex D. Überleben außerhalb des Wirts

In den letzten Jahren hat sich gezeigt, dass die Umweltbedingungen für die Übertragung von *Campylobacter* spp. innerhalb von Nutztierpopulationen von grundlegender Bedeutung sind. Allerdings fehlen *in praxi* weiterhin Informationen zu Vektoren und zu der Epidemiologie von *Campylobacter*-Kolonisationen bzw. -Infektionen.

Um diese Informationslücke zu schließen, werden kontinuierlich sowohl Daten bzgl. der landwirtschaftlichen Emission von *Campylobacter* aus Geflügelmastbetrieben als auch zum Überleben von *Campylobacter* in der Umwelt generiert. Neben dem zu erwartenden Vorkommen in den Herden fanden sich *Campylobacter* in der Stallluft und verschiedenen Umgebungspollen. Über *flaA* SVR-Genotypisierungen der Isolate konnten dominante genetische Varianten des Pathogens identifiziert werden.

Nach Reinigung und Desinfektion des Stalls kam es zu Änderungen der Zusammensetzung der genetischen Varianten in den Herden. Diese Daten deuten auf eine hohe Bedeutung des

Ein- und Austrags von *Campylobacter* hin – und lassen einen intensiven Austausch zwischen Stämmen aus den Ställen und Stämmen in Umgebungsreservoirs vermuten.

Zur Ermittlung der koexistierenden Bakterien in *Campylobacter*-Biofilmen wurden erste Mikrobiome aus Farmen und Schlachthöfen erstellt. Zur verbesserten Analytik des Überlebens von *Campylobacter* in der Umwelt wurde ein einzelzellbasierter Assay zur Visualisierung der DNA-Aufnahme etabliert. Dieser Assay bietet die Möglichkeit, den Einfluss von Umweltfaktoren auf die natürliche Transformation zu untersuchen. Aktuell konnten bereits verschiedene Faktoren inkl. möglicher Stressoren (wie Atmosphäre, Wachstumsdichte und Temperatur) mit dem neuen Assay analysiert werden.

Die Ergebnisse dieser vier Forschungskomplexe finden Eingang in eine neu etablierte technische Digitalplattform, in der die Daten aus Tiermodellen, Next-Generation-Sequenzierungen (NGS), Metabolomics und Bioinformatikanalysen sowie *in vitro*-Assays fachübergreifend ausgewertet und zentral für alle Partner zur Verfügung gestellt werden.

2.16 Aktuelle Entwicklungen im Bereich Rohmilch

Anja Buschulte

Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Der ab-Hof-Verkauf von Rohmilch erfreut sich seit einigen Jahren einer zunehmenden Beliebtheit. Die Gründe hierfür sind vielfältiger Natur. Die Motivation seitens der Landwirtschaft besteht u. a. darin, ein qualitativ hochwertiges Lebensmittel auf den Markt zu bringen, welches gleichzeitig aus ökonomischer Sicht höhere Gewinnmargen verspricht als der Erzeugerpreis, den die Molkereien an die Milcherzeuger zahlen. Zudem erschließt diese Verkaufsform insbesondere regionalen, kleinstrukturierten Betriebe neue Vermarktungsmöglichkeiten. Die Konsumenten hingegen betrachten Rohmilch als gesundes und besonders natürliches, da unverarbeitetes Produkt. Daher werden durch diese Verkaufsform insbesondere die Käuferschichten angesprochen, die an ursprünglichen, regionalen Lebensmitteln Interesse haben oder die kleinbäuerliche Landwirtschaft unterstützen möchten. Die genannten Gründe führten dazu, dass der Verkauf von Rohmilch insbesondere über Milchautomaten zunehmend an Bedeutung gewonnen hat.

Gleichzeitig verdeutlichen die zahlreichen lebensmittelbedingten Campylobacteriose-Ausbrüche der letzten Jahre, bei denen häufig Rohmilch als ursächliches Lebensmittel identifiziert wurde, dass dieses Produkt ein Risiko für die Verbrauchergesundheit darstellen kann. Dies gilt insbesondere dann, wenn die Rohmilch von besonders empfindlichen Verbrauchergruppen (z. B. Kindern) konsumiert wird. In diesem Zusammenhang erlangte der Verkauf über Milchautomaten eine besondere Bedeutung, da dadurch auch Verbrauchergruppen mit dem Produkt in Kontakt kommen, die vor einigen Jahren eher nicht zum typischen Käuferstamm gehörten, wie z. B. Kindergarten- oder Schulkinder. Dies hatte zur Folge, dass die größten Campylobacteriose-Ausbrüche der letzten Jahre deutschlandweit überwiegend Klein- oder Schulkinder betrafen, die Rohmilch aus Milchautomaten im Rahmen von Ausflügen konsumierten.

Vor diesem Hintergrund kam es zu zahlreichen Aktivitäten auf Landes- und Bundesebene sowie im Bereich der Normung. Diese hatten unterschiedliche Ziele, sollten aber letztlich dazu dienen, den Verbraucherschutz in Deutschland in Bezug auf den Konsum von Rohmilch zu erhöhen.

Im Vortrag wird zunächst ein kurzer Überblick zum Rohmilchkonsum und den damit verbundenen Gefahren gegeben. In diesem Zusammenhang werden auch die internationale bzw. europäische Sichtweise und Erfahrungen in Bezug auf Rohmilchverzehr erläutert. Anschließend werden die Aktivitäten, die in den letzten Jahren in Deutschland in den damit befassten Gremien zum Rohmilchverzehr stattfanden bzw. noch stattfinden, dargestellt. Der Fokus dieser Darstellung liegt dabei auf der Prävention möglicher gesundheitlicher Gefahren und einer angemessenen Risikokommunikation.

2.17 *Salmonella*-Bekämpfung beim Geflügel – Auswirkungen auf das Lebensmittel

Annemarie Käsbohrer

Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
Institut für Öffentliches Veterinärwesen, Veterinärmedizinische Universität Wien, Österreich

Einleitung

Salmonellose gehören nach wie vor zu den wichtigsten Magen-Darm-Erkrankungen des Menschen. In den letzten Jahren wurden deshalb erhebliche Anstrengungen unternommen, um das Vorkommen insbesondere von Salmonellen in der Lebensmittelkette zu verringern. Gleichzeitig wurde in erheblichem Maße Verbraucheraufklärung betrieben, um die Küchenhygiene im Umgang mit möglicherweise mit Zoonoseerregern kontaminierten Lebensmitteln zu verbessern. In diesem Beitrag sollen die aktuellen Ergebnisse der Salmonellenbekämpfung beim Geflügel dargestellt und betrachtet werden, wie sich dies auf die Anzahl der gemeldeten Fälle von Salmonellose des Menschen ausgewirkt hat.

Rechtliche Regelungen in der EU

Auf Grundlage der Zoonosen-Bekämpfungsverordnung VO (EG) Nr. 2160/2003 wurden seit 2007 sukzessive stringente Bekämpfungsprogramme für Salmonellen in der Geflügelhaltung auf EU-Ebene eingeführt. Hierzu wurden Ziele für die Bekämpfung und Maßnahmen zur Überwachung der Verwirklichung der Ziele festgelegt. Die Bekämpfung ist vor allem gegen die beiden beim Menschen häufigsten Serovare *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Enteritidis und Typhimurium (Top 2) gerichtet. Zu *S. Typhimurium* werden hierbei auch die monophasischen Varianten dieses Serovars mit der Seroformel S.1,4,[5],12:i:- gezählt. Im Bereich der Zuchtherden von *Gallus gallus* werden darüber hinaus die Serovare *S. Infantis*, *S. Virchow* und *S. Hadar* (Top 5) bei den Zielwerten berücksichtigt.

Ziel der Bekämpfungsprogramme ist, die Prävalenz der spezifisch benannten *Salmonella*-Serovare in dem jeweiligen Produktionszweig unter einen festgelegten Schwellenwert zu senken. Der Zielwert sieht eine maximale Prävalenz der bekämpfungsrelevanten Serovare von 1 % der untersuchten Herden bei Zuchthühnern, Masthühnern, Zuchtputen und Mastputen bzw. 2 % bei den Legehennen vor.

Salmonella-Prävalenz bei Geflügelherden in Deutschland und in der EU

Zuchthühner (*Gallus gallus*)

Seit der Einführung des Bekämpfungsprogramms in 2007 konnte in Deutschland eine insgesamt rückläufige *Salmonella*-Prävalenz bei Zuchthühnern beobachtet werden. Dies betrifft sowohl die bekämpfungsrelevanten Serovare sowie auch die *Salmonella*-Prävalenz insgesamt. In 2013 wurde ein deutlicher Anstieg der Prävalenz beobachtet, da vermehrt *S. Infantis* nachgewiesen worden war. In den Folgejahren war dieser Trend wieder rückläufig, in den Jahren 2017 und 2018 wurde wiederholt *S. Enteritidis* in Zuchthühnerherden nachgewiesen. In 2018 wurden bei 5 Herden (0,7 %) Salmonellen nachgewiesen, davon in zwei Herden (0,3 %) *S. Enteritidis*. Im Vorjahr war bei zwei Herden *S. Enteritidis*, bei drei Herden *S. Typhimurium* und in einer Herde *S. Infantis* nachgewiesen worden.

Auf EU-Ebene lag 2017 die Prävalenz für die bekämpfungsrelevanten Serovare bei 0,6 % und somit auf vergleichbarem Niveau wie im Vorjahr (0,5 %) (EFSA und ECDC, 2018). Am häufigsten wurde *S. Enteritidis* nachgewiesen (0,24 %), gefolgt von *S. Typhimurium* (0,20 %) und *S. Infantis* (0,12 %).

Legehennen

Auch für Legehennen wurde seit 2008, dem ersten Jahr des EU-weiten Bekämpfungsprogramms, in Deutschland ein deutlicher Rückgang der Nachweisraten beobachtet. In 2015

fiel ein deutlicher Anstieg der Nachweisraten auf, allerdings konnte der Zielwert von 2 % eingehalten werden. In den Folgejahren hat sich die leicht rückläufige Tendenz fortgesetzt, allerdings werden jedes Jahr Nachweise von *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* in der Legephase berichtet. Im Jahre 2018 wurde bei 1,2 % der Herden *S. Enteritidis* oder *S. Typhimurium* bzw. bei 1,4 % *Salmonella* spp. in der Legephase von betrieblicher und/oder amtlicher Seite nachgewiesen. *S. Enteritidis* wurde bei 42 (0,7 %) und *S. Typhimurium* bei 31 (0,5 %) der untersuchten Herden nachgewiesen. Somit wurde insgesamt in 2018 für Salmonellen eine rückläufige Tendenz erreicht, allerdings stieg der Anteil der Herden mit Nachweis von *S. Enteritidis* oder *S. Typhimurium* leicht an.

Auf EU-Ebene wurde 2017 bei 3,7 % Herden *Salmonella* spp. nachgewiesen (2016: 3,7 %). Die Prävalenz der beiden bekämpfungsrelevanten Serovare betrug 1,11 % (2016: 1,4 %). *S. Enteritidis* wurde häufiger (0,9 %) als *S. Typhimurium* (0,2 %) nachgewiesen.

Masthähnchen

Bei Masthähnchen wurde in Deutschland in 2013 mit 1,5 % der Herden mit Nachweisen von *Salmonella* spp. und 0,03 % der Herden mit Nachweisen von *S. Enteritidis* oder *S. Typhimurium* die bisher niedrigste *Salmonella*-Prävalenz beobachtet. Seitdem ist eher ein leichter Anstieg zu beobachten. Wie in den Vorjahren dominierten bei Masthähnchen die nicht bekämpfungsrelevanten Serovare. In 2018 wurde bei 0,13 % der Herden *S. Enteritidis* oder *S. Typhimurium* (beide etwa gleich häufig) beobachtet, während die Prävalenz für *Salmonella* spp. bei 2,7 % lag und damit weiter angestiegen war.

In der EU, wurden bei 3,3 % der Masthähnchenherden Salmonellen nachgewiesen (2016: 2,6 %). Ein deutlich geringerer Anteil (0,2 %) der Herden war positiv für die beiden Zielserovare (2016: 0,2 %). Die Prävalenz war für *S. Typhimurium* (0,10 %) etwas höher als für *S. Enteritidis* (0,08 %).

Zuchtputen

Aufgrund der insgesamt geringen Anzahl von Herden von Zuchtputen in Deutschland hat jeder *Salmonella*-Nachweis einen deutlichen Einfluss auf die geschätzte Prävalenz und die Einhaltung des Zielwertes. In der Grundlagenstudie waren keine Salmonellen bei Zuchtputen nachgewiesen worden. In einzelnen Folgejahren wurde jeweils in einigen wenigen Herden *Salmonella* spp. isoliert und hierdurch z. T. auch der Zielwert überschritten. Hierbei handelte es sich unter anderem auch um das bekämpfungsrelevante Serovar *S. Typhimurium*. In 2017 wurde bei einer Zuchtputenherde auch das Serovar *S. Enteritidis* isoliert. In 2018 wurde erneut bei einer Herde (1 von 92 Herden, 1,1 %) der Nachweis von *S. Typhimurium* berichtet und somit der Zielwert überschritten.

In der EU wurde 2017 bei 2,6 % der Herden Salmonellen nachgewiesen. Dies stellt eine deutliche Erhöhung zur Prävalenz in 2016 dar, als 1,1 % berichtet wurden. Auch für die bekämpfungsrelevanten Serovare wurde in 2017 mit 0,5 % eine höhere Prävalenz als in 2016 (0,2 %) ermittelt. Hierbei dominierte *S. Typhimurium*.

Mastputen

Bei den Mastputenbeständen ist über die Jahre kein deutlicher Trend erkennbar. In 2018 lag in Deutschland die Nachweisrate bei 0,7 % für *Salmonella* spp. und 0,4 % für die bekämpfungsrelevanten Serovare. Während in der Regel *S. Typhimurium* hier dominierte, wurden in 2017 und 2018 jeweils auch *S. Enteritidis* bei einer Mastputenherde berichtet.

Auf EU-Ebene lag in 2017 die *Salmonella*-Prävalenz bei 6,0 %, im Vorjahr lag der Wert bei 4,9 %. Für die beiden bekämpfungsrelevanten Serovare lag die Prävalenz bei 0,3 % und somit unter dem Wert in 2016 (0,4 %). Die Herdenprävalenz lag für *S. Typhimurium* (0,2 %) über der von *S. Enteritidis* (0,08 %).

Situation bei Lebensmitteln

Betrachtet man die *Salmonella*-Prävalenz bei den jeweiligen Lebensmitteln im Rahmen der Lebensmittelüberwachung, so konnte bei Konsumeiern im Zeitraum ab 2008 eine deutliche Reduktion der Nachweishäufigkeit für *S. Enteritidis* beobachtet werden. Insbesondere in den Jahren 2011 bis 2013 war die Nachweisrate für *Salmonella* spp. unter 0,1 %. Seit 2014 werden wieder häufiger Salmonellen nachgewiesen, in der Regel auch *S. Enteritidis*.

Proben von frischem Hähnchenfleisch aus dem Einzelhandel waren zu 7,2 % *Salmonella*-positiv. Betrachtet man die langjährige Entwicklung, so deutete sich – ausgehend von einer *Salmonella*-Prävalenz von 10 % in 2005 – eine abfallende Tendenz an. Der niedrigste Wert (2,9 %) wurde für 2012 berichtet. Seit dem wurden meist bei mehr als 6 % der Hähnchenfleischproben Salmonellen nachgewiesen.

Insgesamt sind die *Salmonella*-Prävalenzen bei Putenfleisch niedriger als bei Hähnchenfleisch. Ausgehend von einer *Salmonella*-Prävalenz von über 10 % in 2006 ist ein Abfall der Nachweisrate zu beobachten. Der niedrigste Wert wurde 2014 berichtet, seitdem steigt die Nachweishäufigkeit wieder an. In 2018 waren 2,3 % der Putenfleischproben aus dem Einzelhandel mit Salmonellen kontaminiert.

Häufigkeit der Salmonellose beim Menschen

Der Erfolg der Maßnahmen lässt sich am besten daran ablesen, welche Wirkung sie im Hinblick auf die Erkrankungszahlen beim Menschen erzielen. Salmonellosen gehören noch immer zu den häufigsten lebensmittelbedingten Erkrankungen des Menschen, auch wenn die Anzahl der Erkrankungsfälle seit etwa zwei Jahrzehnten rückläufig ist. Während im Jahre 1992 etwa 195.000 Fälle gemeldet wurden, waren es im Jahr 2018 mit 13.529 (RKI, 2019) weniger als ein Zehntel. Bis zum Jahr 2016 war ein deutlicher Rückgang der Fälle, insbesondere von *S. Enteritidis* festzustellen. In 2017 hatten sich die Anzahl der Fälle von *S. Enteritidis* und von *S. Typhimurium* erhöht. In 2018 waren die Fallzahlen für beide Serovare rückläufig, allerdings blieben die Fallzahlen verursacht durch *S. Enteritidis* über dem Wert von 2016.

Die überproportionale Reduktion des Abfalls der *S. Enteritidis*-Fälle und deren Zeitpunkt deuten auf einen Zusammenhang mit der Durchführung des Bekämpfungsprogramms hin, da *S. Enteritidis* vor allem bei Legehennen und in Eiern eine besondere Bedeutung hatte. Zu dem Effekt beigetragen haben kann auch die Maßregelung von Eiern aus Betrieben, die positiv für *S. Enteritidis* oder *S. Typhimurium* getestet wurden. Die Ergebnisse aus der amtlichen Überwachung und aus dem Zoonosen-Monitoring machen auch deutlich, dass auch die *Salmonella*-Belastung bei Geflügelfleisch gesenkt werden konnte.

Internationale Entwicklung

Seit 2014 wird auf europäischer Ebene ein Anstieg der gemeldeten *Salmonella*-Fälle beim Menschen berichtet. Eine Analyse, ob für Zuchthühner die bei den Bekämpfungsprogrammen zu berücksichtigenden Serovare geändert werden sollten ergab, dass ggf. *S. Virchow* und *S. Hadar* durch andere Serovare ersetzt werden könnten (EFSA, 2019). Hierbei wurde geprüft, ob ggf. *S. Kentucky*, *S. Heidelberg* oder *S. Thompson* berücksichtigt werden sollten oder die Schwerpunkte auf nationaler Ebene gesetzt werden sollten. Der deutlichste Effekt könnte erwartet werden, wenn alle Serovare in dem Bekämpfungsprogramm adressiert werden (EFSA, 2019). In einem weiteren Ansatz wurde geschätzt, dass bei Festlegung und Einhaltung eines Zielwertes von 1 % bei Legehennen für die auch bisher berücksichtigten Serovare *S. Enteritidis* und *S. Typhimurium* ca. 53,4 % [39.1; 65.7] der mit Legehennen assoziierten Fälle und 6,2% aller Salmonellose-Fälle des Menschen vermieden werden könnten.

Als mögliche Risikofaktoren für das Vorkommen von Salmonellen bei Legehennen wurden eine höhere Bestandsdichte, die Betriebsgröße sowie vermehrter Stress als Faktoren für

eine erhöhte *Salmonella*-Prävalenz identifiziert, während für die vermehrte Freiland-Haltung bzw. die Haltung in ausgestalteten Käfigen keine klare Wirkung auf die Prävalenz ermittelt werden konnte.

Fazit

Die Bekämpfungsprogramme beim Wirtschaftsgeflügel haben zu einem deutlichen Rückgang der *Salmonella*-Prävalenz bei allen betrachteten Gruppen von Wirtschaftsgeflügel geführt. Die Europäische Tendenz macht aber auch deutlich, dass die Anstrengungen nicht nachlassen dürfen. Aus Sicht des gesundheitlichen Verbraucherschutzes sollte kritisch geprüft werden, wie die Bekämpfungsmaßnahmen intensiviert werden können.

Referenzen

1. BfR-Stellungnahmen zu den Ergebnissen der Bekämpfungsprogramme: z. B. <https://www.bfr.bund.de/cm/343/salmonellen-bekaempfungsprogramm-ergebnisse-fuer-das-jahr-2015.pdf>
2. BfR Wissenschaft – Berichte: z. B. <https://www.bfr.bund.de/cm/350/erreger-von-zoonosen-in-deutschland-im-jahr-2016.pdf>
3. EFSA and ECDC (European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control), 2018. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2017. EFSA Journal 2018;16(12):5500. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2018.5500>
4. EFSA BIOHAZ Panel (EFSA Panel on Biological Hazards), 2019. Scientific Opinion on the Salmonella control in poultry flocks and its public health impact. EFSA Journal 2019;17(2):5596. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2019.5596>
5. RKI 2019. Infektionsepidemiologisches Jahrbuch für 2018. Robert Koch-Institut, Berlin, <https://www.rki.de/DE/Content/Infekt/Jahrbuch/Jahrbuecher/2018.html>

2.18 Senkung der Salmonellenprävalenz in sauen- und ferkelhaltenden Betrieben in NRW

Jürgen Harlizius¹, Sabine Schütze¹, Claudia Lambrecht¹, Sandra Löbert¹,
Theodor Schulze-Horsel¹, Bernd-Andreas Schwarz², Istvan Szabo³

¹ Schweinegesundheitsdienst, Landwirtschaftskammer Nordrhein- Westfalen, Bad Sassendorf

² Vaxxinova GmbH, Leipzig

³ Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Nach wie vor ist die Salmonellose die zweithäufigste gemeldete Zoonose. Um den Eintrag von Salmonellen in die Lebensmittelkette zu vermindern, gibt es seit 2003 ein Salmonellen-Monitoring in Deutschland. Bisher konnte der Anteil Salmonellen-auffälliger Mastschweinebetriebe nicht nennenswert reduziert werden. Der Anteil der Kategorie-3-Betriebe (mehr als 40 % positive Befunde in der Stichprobe) verzeichnet eine geringe Reduzierung von 3,7 % (2004) auf 3,4 % (2018) mit leichten Schwankungen sowohl nach oben als auch nach unten. Hingegen hat sich der Anteil der Kategorie-2-Betriebe im gleichen Zeitraum sogar von 13,6 % auf 20,6 % erhöht.

Die größte Rolle für den Eintrag und die Verbreitung von Salmonellen in Schweinebestände spielen latent infizierte Tiere. Daher stellt der Zukauf von Ferkeln, die bereits mit Salmonellen latent infiziert sind, für Mastbetriebe ein Problem dar. Erfahrungen aus dem Geflügelbereich zeigen, dass eine nachhaltige Reduktion des Salmonellenvorkommens an der Zuchtstufe beginnen sollte. Darum wurde durch Mittel der Tierseuchenkasse (TSK) NRW das Projekt „Gesunder Darm“ finanziell unterstützt, um das Salmonellenvorkommen bei Sauen und Ferkeln in NRW erstmals zu erfassen.

Insgesamt erfolgte auf 102 Betrieben eine Stuserhebung. Die Einschätzung der Betriebe erfolgte, indem mögliche Schwachstellen für die Salmonellenbekämpfung aus den verschiedenen Bereichen (baulicher Zustand, externe und interne Biosicherheit, Reinigung und Desinfektion sowie Schadnager) abgefragt wurden. Es zeigte sich, dass die meisten Betriebe keine gravierenden Mängel aufwiesen. Interessant ist, dass sowohl Betriebe mit „guten“ als auch „schlechten“ Voraussetzungen eine Salmonellenproblematik aufweisen.

Es wurden Blutproben von Altsauen (n = 4595), Jungsauen (n = 1492) und Ferkeln, die kurz vor Umstallung in die Mast waren, (n = 2524) ausgewertet. Zuerst wurde die Gesamtheit der Altsauenproben betrachtet. Nach dem Cut-Off-Wert des QS-Salmonellenmonitoring ($OD \geq 40$ = positiv) waren 30,9 % (n = 1419) der Proben positiv. Würde man allerdings nach dem Cut-Off-Wert des Testkitherstellers ($OD > 10$ = positiv) die Proben bewerten, wären 4217 Proben, also 91,8 % positiv. Bei der Auswertung der Jungsauenblutproben hatten 197 Proben (13,2 %) einen OD-Wert ≥ 40 % bzw. 910 Proben (61 %) einen OD-Wert > 10 %. In der Gruppe der Ferkelproben sowie bei den Altsauen zeigte sich, dass bei einer strengeren Bewertung der Anteil der positiven Proben mehr als dreimal so hoch war. Um den Erfolg der Betriebsberatung zu bewerten, wurden die Ergebnisse von 48 Sauen-Betrieben verwendet, die eine Betreuungszeit von mindestens 180 bis zu 450 Tagen hatten. In Abbildung 1 ist die Entwicklung der Kategorien im Sauenbereich vom ersten zum letzten Besuch während der Projektteilnahme aufgeführt. Es gibt eine Tendenz zur Reduzierung der Salmonellenprävalenz bei den Sauen vom Beginn bis zum Ende der Projektlaufzeit.

Weiterhin wurden 2639 Kotproben von Absatzferkeln untersucht, in 23,3 % der Proben konnten kulturell Salmonellen nachgewiesen werden. Auf 81 Betrieben wurden während der Projektteilnahme bei mindestens einer Probennahme in einer Kotprobe Salmonellen gefunden. Bei insgesamt vier Beprobungen von Jungsauen nach der Anlieferung konnten Salmonellen nachgewiesen werden. Von den insgesamt 759 Umgebungsproben waren 14,2 % Salmonellen-positiv.

Für insgesamt 578 Kotproben und 99 Umgebungsproben konnte eine Typisierung erfolgreich durchgeführt werden. Wie in Tabelle 1 ersichtlich, war das am häufigsten nachgewiesene Salmonellen-Serovar sowohl in den Kot- als auch in den Umgebungsproben *Salmonella* Typhimurium (89,4 % bzw. 86,9 %). Als zweithäufigstes Serovar wurde jeweils *Salmonella* Derby mit 5,4 % bzw. 3,0 % nachgewiesen.

Erfahrungen aus der Salmonellenberatung zeigen, dass der Zukauf von Salmonellen-infizierten Ferkeln eine entscheidende Rolle bei der Verbreitung von Salmonellen in der Mast hat.

Bei Einstufung nach dem QS-Salmonellenmonitoring liegt die Seroprävalenz der Sauen auf mittlerem Niveau. Demgegenüber steht eine deutlich geringere Seroprävalenz bei Ferkeln am Ende der Aufzucht. Aber auch wenn die Seroprävalenz bei den Ferkeln niedrig war, darf man die vergleichsweise hohe bakteriologische Nachweisrate von Salmonellen nicht vernachlässigen. Der Status der Sauen- bzw. Zuchtsauenherden muss letztendlich in Kontrollprogramme mit einbezogen werden.

Literatur

1. [https://www.schweinegesundheitsdienste.de/services/files/sgd/Salmonelle-Leitfaden 4.Auflage.pdf](https://www.schweinegesundheitsdienste.de/services/files/sgd/Salmonelle-Leitfaden%204.Auflage.pdf)
2. S. Schütze, C. Lambrecht, T. Schulze-Horsel, I. Szvabo u. J. Harlizius: Salmonellen-Prävalenz in sauen- und ferkelhaltenden Betrieben in NRW. Tierärztl. Umschau 74, 324–330 (2019)

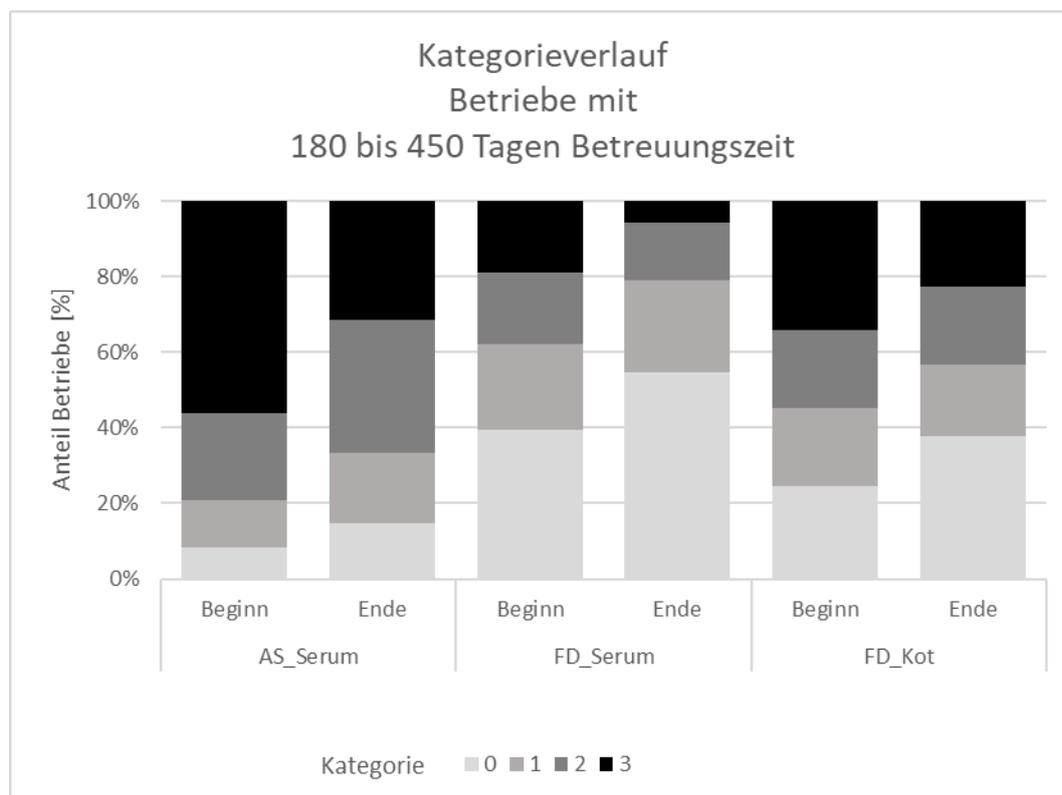


Abbildung 1: Verlauf der Salmonellenkategorien von Beginn bis zum Ende der Projektteilnahme (mindestens 180 bis 450 Tage Betreuungszeit).

Tabelle 1: Nachgewiesene *Salmonella*-Serovare in Kot- und Umgebungsproben.

Serovar	Kotproben		Umgebungsproben	
	Anzahl	%	Anzahl	%
falsch positiv	4	0,7	1	1,0
S.Bovismorbificans	1	0,2	0	0,0
S.Brandenburg	1	0,2	1	1,0
S.Derby	31	5,4	3	3,0
S.Duisburg	0	0,0	2	2,0
S.Infantis	3	0,5	0	0,0
S.Livingstone	4	0,7	2	2,0
S.Muenchen	3	0,5	1	1,0
S.Nottingham	3	0,5	0	0,0
S.Ohio	2	0,3	0	0,0
S.Typhimurium	517	89,4	86	86,9
S.Subspec. I Rauform	7	1,2	2	2,0
S.Subspez.I	2	0,3	1	1,0
Gesamt	578	100,0	99	100,0

2.19 Applying *Salmonella* vaccination at the top of a UK pig production pyramid

Judy M. Bettridge

Animal and Plant Health Agency, United Kingdom

Introduction

Salmonella is widespread in pig farms, causing both disease in humans and economic costs for society, regulators and pig farmers. The reduction of zoonotic non-typhoidal *Salmonella* in animals at slaughter can improve the safety of meat and offal for human consumption, and reduce the risk of cross-contamination on the slaughter line. Previous UK studies have shown sow vaccination can reduce *Salmonella* prevalence (Davies *et al.*, 2016; Smith *et al.*, 2018). However, vaccination is unlikely to be cost-effective on most pig farms producing finisher pigs, as most infections are subclinical (Gavin, 2018). The continuing supply of infected pigs to breeding and rearing farms undermines the effectiveness of other interventions applied to reduce *Salmonella*. It has been proposed that reducing transmission at the top of a production pyramid might improve control throughout the pyramid whilst remaining cost-effective.

Material and Methods

This study used a single production pyramid, following a closed multiplier farm and 2–3 representative farms at each of the following levels: gilt mating unit and surplus breeding stock, breeding, rearing, and finishing farms. Following a baseline visit to the farm, sows and piglets in the multiplier herd were given a live attenuated vaccine against *S. Typhimurium*, according to the manufacturer's recommendations. Repeat visits to this farm were carried out 6, 9, 12 and 15 months after the start of vaccination. Farms directly receiving pigs from the multiplier (gilt mating unit and two surplus finisher farms) also received a baseline visit before vaccinated piglets arrived on these farms, then were visited 9 and 15 months after vaccination commenced. Baseline visits to three outdoor breeder farms and two rearer farms they supplied were carried out at around 6 months into the study, shortly before the vaccinated mated gilts were placed on the breeder farms, with follow-up visits at 12 and 18 months. The two finisher farms supplied were visited at the 6 and 18 month time points. Pooled and individual floor faeces and environmental samples were collected at each visit, ensuring sufficient samples were collected within each pig stage to allow for estimations of prevalence and serovar diversity within and between stages. Samples were cultured by a BPW, MSRV and Rambach agar method using a modification of the ISO 6579:2002 (Annex D) method, as described previously (Martelli *et al.*, 2014). Positive isolates were serotyped using standard methodology (Jones, McLaren and Wray 2000). Typhimurium strains cultured from the multiplier farm and the farms directly receiving their weaned piglets (i.e. the gilt mating unit and the surplus breeding stock farms) were tested to differentiate the vaccine strain Typhimurium from wild-type. At each visit, data on farm management practices was also collected, to monitor any other changes that may have influenced the prevalence of *Salmonella* over time.

Results

At the initial visit to the multiplier farm, *Salmonella* prevalence in pooled samples was 38.2 %, with mainly monophasic *S. Typhimurium* detected, plus a few *S. Rissen* isolates in a single farrowing shed (Fig 1a.). Following vaccination, the prevalence of monophasic *S. Typhimurium* steadily reduced and *S. Rissen* became the predominant serovar. Similar results were observed in the farms directly supplied by the multiplier. Clinically, the farmer reported a reduction in scouring in weaned pigs, and the gilt mating unit was able to stop the use of apramycin for prevention of enteric disease in weaners received from the multiplier unit. At the final visit to the multiplier farm, only vaccine-strain Typhimurium and *S. Rissen* were detected (Fig 1b.). Some reduction in monophasic *S. Typhimurium* was observed in other farms in the pyramid, although detection of other serovars, particularly *S. Newport*, increased and overall *Salmonella* prevalence did not decrease in these farms.

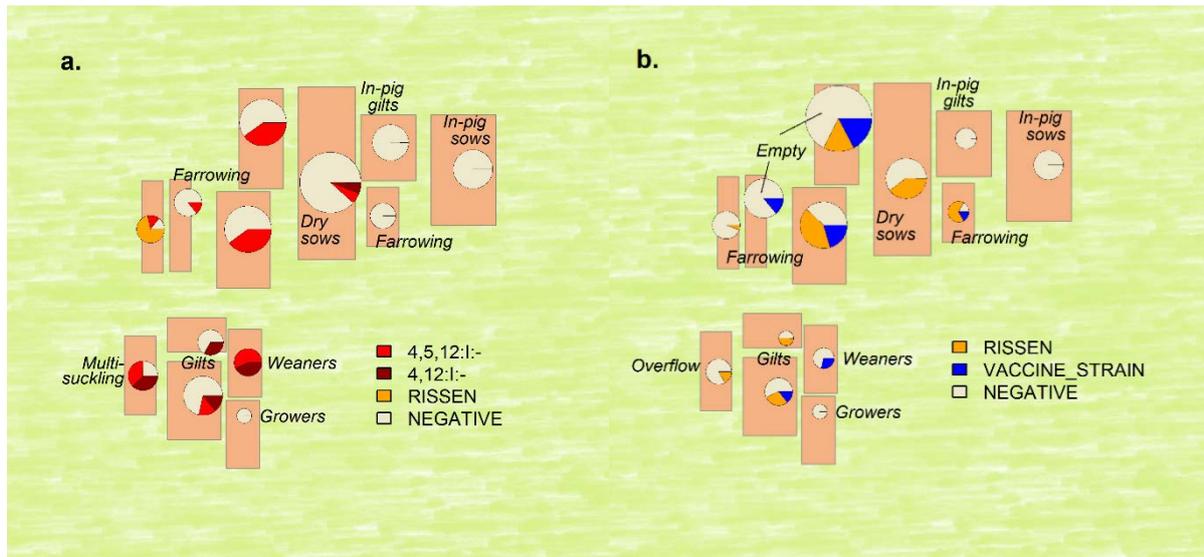


Figure 1: Distribution of *Salmonella* serovars scaled according to the number of samples per building.

Discussion and Conclusion

Vaccination of sows and piglets on a closed multiplier farm demonstrated that the control of monophasic *S. Typhimurium* was achievable. The spread and persistence of *S. Rissen*, and the detection of this serovar at the final visit in empty sheds that had been cleaned and disinfected showed that, overall, biosecurity was sub-optimal. However, as this serovar is relatively non-pathogenic in pigs and people, the farm was satisfied with the results of the vaccination programme. The farms directly supplied with vaccinated weaners by the multiplier herd showed a similar change in the dominant serovars from monophasic *S. Typhimurium* to *S. Rissen*, highlighting the role that pig movements play in maintaining infection and environmental contamination on farms. Lower down the pyramid, in the outdoor breeder, rearer and finisher farms, some reduction in *S. Typhimurium* was also observed, although the fact that other serovars maintained *Salmonella* prevalence at a similar level to the pre-vaccination period suggests that eradicating these opportunistic infections from this environmental niche may not be realistic.

This study indicates that vaccination of pigs in a closed gilt multiplier farm was effective in reducing a serious zoonotic *Salmonella* serovar on this farm and also demonstrated improvements in herds further down the pyramid.

References

1. Davies, R., Gosling, R.J., Wales, A.D., Smith, R.P. (2016) Use of an attenuated live *Salmonella* Typhimurium vaccine on three breeding pig units: a longitudinal observational field study. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis.* 46: 7–15.
2. Gavin, C., Simons, R.R.L., Berriman, A.D.C., Moorhouse, D., Snary, E.L., Smith, R.P., Hill, A.A (2018) A cost-benefit assessment of *Salmonella*-control strategies in pigs reared in the United Kingdom. *Prev Vet Med*, 160, 54–62.
3. Jones, Y.E., McLaren, I.M., Wray, C. (2000) Laboratory aspects of *Salmonella*, in: C. Wray, A. Wray (Eds.), *Salmonella Domest. Anim.*, 1st ed., pp. 393–405. CABI Publishing, Wallingford, UK.
4. Martelli, F., Gosling, R., McLaren, I., Wales, A., Davies, R. (2014) Development and testing of external quality assessment samples for *Salmonella* detection in poultry samples. *Lett Appl Microbiol* 59, 443–448.
5. Smith, R.P., Andres, V., Martelli, F., Gosling, B., Marco-Jimenez, F., Vaughan, K., Tchorzewska, M., Davies, R. (2018). Maternal vaccination as a *Salmonella* Typhimurium reduction strategy on pig farms with a salmonellosis problem. *J Appl Microbiol*, 124, 274–285.

2.20 Nachweis der Übertragung und Veränderung eines Carbapenemase-kodierenden Plasmids im Tiermodell Huhn

Sead Hadziabdic, Jenny Fischer, Burkhard Malorny, Istvan Szabo

Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Antibiotikaresistenzen stellen eine große Herausforderung für das Gesundheitswesen weltweit dar. Mit dem Ziel, Humaninfektionen verursacht durch multiresistente Bakterien zu bekämpfen, werden bestimmte Antibiotikagruppen von der Weltgesundheitsorganisation (WHO) als „critically important antimicrobials“ (CIA) eingestuft. Trotzdem, werden immer häufiger multiresistente Bakterien, die auch Resistenzen gegenüber CIA aufweisen, auch bei Tieren isoliert. In Deutschland wurde in den vergangenen Jahren ein NDM-1 Carbapenemase-produzierender *S. Corvallis* Stamm von einem Wildvogel, ein VIM-1 *S. Infantis* Stamm beim Schwein und Geflügel und letztens ein VIM-1 *S. Goldcoast* Stamm beim Schwein isoliert.

Diese Entdeckungen weisen auf ein potentielles Risiko für die weitere Ausbreitung von Carbapenemase-produzierenden gramnegativen Bakterien bei Tieren und Menschen hin.

Im Rahmen des internationalen Forschungsprojekts EFFORT (Ecology from Farm to Fork Of microbial drug Resistance and Transmission) wurden im BfR mehrere Challengeversuche am Tiermodell Huhn (Broiler) mit dem Ziel durchgeführt, den Transfer und die strukturellen Veränderungen der Carbapenemasegen-tragenden Plasmide zu untersuchen. In den Versuchsgruppen wurden sieben und zehn Tage alte Küken mit unterschiedlichen *Salmonella* Donor- und Rezipient-Stämmen infiziert und drei Wochen beobachtet. Als Donoren der Carbapenemasegen-tragenden Plasmide dienten die oben genannten NDM-1 produzierenden *S. Corvallis* und VIM-1 produzierenden *S. Infantis* Stämme und als Rezipienten die aus Geflügel häufig isolierten Serovare *S. Paratyphi B (dT+)* und *S. Infantis*. Es konnte eine Strukturänderung und eine Übertragung des *bla*_{NDM-1}-tragenden *IncA/C₂* Plasmids zu kommensalen Enterobakterien und die *Salmonella*-Rezipienten nachgewiesen werden. Des Weiteren zeigten die Ergebnisse eine stabile Persistenz des *S. Corvallis* Stammes *in vivo* (1). Trotz Strukturänderung des *bla*_{NDM-1}-tragenden Plasmids persistierte das *bla*_{NDM-1} Gene stabil auf dem Plasmid (2).

Im Vortrag wird der Aufbau der Tierversuche und die wichtigsten Ergebnisse vorgestellt.

Literatur

1. Hadziabdic S, Fischer J, Malorny B, Borowiak M, Guerra B, Kaesbohrer A, Gonzalez-Zorn B, Szabo I. 2018. In vivo transfer and microevolution of avian native *IncA/C₂ bla*_{NDM-1}-carrying plasmid pRH-1238 during a broiler chicken infection study. *Antimicrob Agents Chemother* 62(4).
2. Hadziabdic S, Fischer J, Borowiak M, Malorny B, Juraschek K, Kaesbohrer A, Guerra B, Deneke C, Gonzalez-Zorn B, Szabo I. 2019. The *bla*_{NDM-1} carrying *IncA/C₂* plasmid underlies structural alterations and co-integrate formation in vivo. *Antimicrob Agents Chemother* 63(8).

2.21 Epidemiologie von Leptospiren in Deutschland

Duygu Emirhar

Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Einleitung

Die Leptospirose ist eine seltene Erkrankung in Deutschland (durchschnittliche jährliche Inzidenz von 0,1 pro 100.000 Einwohner) und über die Epidemiologie ist bislang wenig bekannt. In den Jahren 2007 und 2014 wurden Ausbrüche unter den Erntehelfern auf Erdbeerfeldern in verschiedenen Bundesländern gemeldet, die mit *Leptospira kirschneri* infizierten Feldmäusen als Ausbruchsquelle in Verbindung gebracht wurden. Die geringe Inzidenz der Leptospirose steht im Gegensatz zu den hohen Prävalenzen bei Nagetieren und Spitzmäusen (bis zu 30 %) in Deutschland und unterstreicht den multifaktoriellen Charakter der Krankheit. Die Inzidenz und der Krankheitsverlauf der Leptospirose hängen von der Wechselwirkung verschiedener Faktoren ab, die auf Wirts- und Erreger-spezifischen Faktoren sowie auf verschiedenen Umweltfaktoren beruhen. Sporadische Erkrankungen oder Krankheitsausbrüche beim Menschen sind mit menschlichen Verhaltensmustern, Erreger-spezifischen Eigenschaften, wie Virulenz und Tenazität, aber auch Umwelt- und Klimafaktoren sowie mit der geografischen Verteilung, der Prävalenz bei Reserviertieren und der Dynamik der Reservoirpopulation verbunden. All diese Faktoren werden im Projekt „RoBoPub“ untersucht; einem One-Health-Ansatz um die komplexe Epidemiologie der Krankheit in Deutschland zu verstehen und letztendlich Maßnahmen für die öffentliche Gesundheit zu entwickeln, bei denen die frühzeitige Vorbeugung dieser Infektion im Vordergrund stehen soll. Hier werden die Arbeitsschwerpunkte und aktuellen Ergebnisse des Teilprojekts „Epidemiologie von *Leptospira* spp. in Deutschland“ des Konsortiums vorgestellt.

Arbeitsschwerpunkte

1. Vertiefung der Erkenntnisse zur räumlichen Verbreitung und zeitlichen Schwankungen des Vorkommens von *L. kirschneri* in Feldmauspopulationen:

Monitoringuntersuchungen an Feldmäusen, Rötelmäusen und sympatrisch vorkommenden anderen Kleinsäugetieren wurden entlang von Transekten durch Gebiete mit einer früheren Häufung von Leptospirose-Fällen (Erdbeerfarmen) durchgeführt. Pathogene *Leptospira* spp. wurden durch die konventionelle PCR und qPCR des *lipI32* Gens, *secY*-Sequenzanalyse sowie der Multi Locus Sequenz Typisierung nachgewiesen und genotypisiert. Leptospiren-Kulturen wurden zur Gewinnung von Leptospiren-Isolaten und deren Genosequenzierung angelegt.

2. Untersuchungen zum Überlebenszeit von *L. kirschneri* in der Umwelt:

Die Überlebenszeit von *L. kirschneri* serovar Grippotyphosa wurde auf Erdbeeren unter verschiedenen Inkubationsbedingungen untersucht. In den Untersuchungen wurden ein Referenzstamm und ein Isolat aus Feldmäusen, die während der Erdbeerfeld-Ausbrüche gefangen wurden, verwendet.

3. Seroprävalenzstudien am Menschen:

Die Prävalenz von Leptospiren-spezifischen Antikörpern in Risikopopulationen (Waldarbeiter und Erntehelfer auf Erdbeerfeldern) im Vergleich zur Allgemeinbevölkerung soll bewertet werden, um Risikofaktoren ermitteln zu können. Deswegen wurden in einem ersten Schritt verschiedene serologische Tests verglichen.

Ergebnisse

1. Bisher war die Feldmaus (*Microtus arvalis*), die am häufigsten gefangene Nagetierart. Leptospiren DNA wurde in 4 % (2/50) der Tiere nachgewiesen. Bisher konnten zwei Isolate

gewonnen werden und als *L. kirschneri* serovar Grippotyphosa (MLST Typ 110) identifiziert werden.

2. *L. kirschneri* serovar Grippotyphosa konnte auf Erdbeeren unabhängig von der Temperatur (15, 21 und 25 °C) bis zu 6 Stunden überleben, während nach 8 Stunden kein Nachweis lebender Leptospiren möglich war.

3. Wesentliche Unterschiede zwischen einem kommerziellen und einem Inhouse serologischen Test machen deutlich, dass diagnostische Tests validiert werden müssen. Bisher waren 33 % der 146 getesteten Forstarbeiter-Seren mit dem hauseigenen ELISA IgG-positiv, während nur 18 % im kommerziellen ELISA ein positives Ergebnis zeigten.

Fazit

Basierend auf früheren Studien und den im Rahmen dieses Projekts gewonnenen Daten, müssen regionale Modelle für die Erreger-Wirts-Dynamik entwickelt werden, die auf dem Vorkommen von Nagetieren, der Landschaftsstruktur und den Wetterbedingungen, wie z. B. hohe Niederschläge, beruhen. Darüber hinaus wird das Projekt Einblicke in Diskrepanzen zwischen der hohen Leptospirenprävalenz bei Nagetieren in ganz Deutschland, den hohen Seroprävalenzen bei Risikopopulationen und der geringen gemeldeten Meldungshäufigkeit für humane Leptospirosen in Deutschland ermöglichen. Schließlich wird das erworbene Wissen in Maßnahmen der öffentlichen Gesundheit, wie die Sensibilisierung der Öffentlichkeit und der Allgemeinmediziner für Leptospirose umgesetzt.

Diese Arbeit wurde vom Bundesministerium für Bildung und Forschung (BMBF) unter der Projektnummer 01K11721B, im Rahmen des Forschungsverbundes Zoonotische Infektionskrankheiten gefördert.

2.22 Variabilität des Vorkommens von Zoonoseerregern auf Schlachtkörpern

Bernd-Alois Tenhagen

Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Einleitung

Die Schlachtung spielt bei der Übertragung von Mikroorganismen aus Tierbeständen auf Lebensmittel eine entscheidende Rolle. Im Zoonosen-Monitoring untersuchen die Behörden der Länder seit 2009 Proben von Schlachtkörpern nach Vorgaben des Zoonosen-Stichprobenplans auf das Vorkommen von Bakterien unterschiedlicher Spezies. Im Hinblick auf das Zoonose-Risiko sind dabei insbesondere Salmonellen und *Campylobacter* spp. als Erreger von Infektionen des Magen-Darm Trakts von besonderer Bedeutung, da sie die häufigsten Erreger von lebensmittelassoziierten Zoonosen in Deutschland und Europa sind (EFSA and ECDC 2018).

Ziel des Zoonosen-Monitorings ist es auf nationaler Ebene die Prävalenz von relevanten Zoonose-Erregern auf bestimmten Stufen der Lebensmittelkette zu schätzen. Ergänzend sollen Isolate für die Resistenztestung gewonnen werden, u. a. um die Vorgaben des Durchführungsbeschlusses der Kommission 2013/652/EU zu erfüllen. Auf diese Zielsetzungen ist der Stichprobenumfang ausgelegt. Auf der Ebene der Fleischgewinnung ist ein Ziel, das Vorkommen von diesen bakteriellen Kontaminanten auf Schlachtkörpern in Deutschland zu schätzen. Dabei werden die Proben gemäß der Zahl der Schlachtungen der jeweiligen Tierart in den verschiedenen Ländern auf die Länder verteilt. Im Rahmen der Bewertung der Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings durch das BfR wurde in den letzten Jahren wiederholt festgestellt, dass einzelne Schlachthöfe das Gesamtergebnis der Schätzung maßgeblich beeinflussen, da die Nachweishäufigkeit in diesen Schlachthöfen von der Nachweishäufigkeit in der Gesamtheit der untersuchten Proben deutlich abweicht. In dem Vortrag soll dies an einigen Beispielen dargelegt werden.

Fall 1: S. Indiana auf Hähnchenschlachtkörpern eines Schlachthofs, 2013

Im Zoonosen-Monitoring 2013 wurden auf Hähnchenschlachtkörpern ungewöhnlich häufig (11,5 %) Salmonellen nachgewiesen (BVL 2015). Im Rahmen der Bewertung der Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings wurde dann zunächst eine nach Ländern stratifizierte Auswertung vorgenommen, mit der Zielsetzung herauszufinden, ob diese hohe Nachweisrate für alle beteiligten Länder zutrifft. Dabei fiel auf, dass in einem Land 79,4 % positive Befunde von Schlachtkörpern gemeldet wurden (27/34), während in den übrigen Ländern der Anteil positiver Schlachtkörper nur bei 3,6 % (10/302) lag.

Die detaillierte Analyse der im Rahmen dieses Schlachthof-Programmes an das NRL *Salmonella* eingesandten Isolate ergab, dass alle Isolate des Serovars S. Indiana ebenfalls nur aus einem Land eingesandt wurden. Diese machten 60,5 % aller von Hähnchenschlachtkörpern eingesandten Isolate (N = 38) aus (Abb. 1). Im gleichen Jahr wurden in einem anderen Zoonosen-Monitoring-Programm gepoolte Blinddarmproben von Masthähnchen bei der Schlachtung untersucht, bei denen insgesamt nur dreimal Salmonellen nachgewiesen wurden (1 % der Proben). Davon war ein Isolat S. Indiana. Eine weitere Folge dieser Häufung war, dass S. Indiana als gegen alle Testsubstanzen sensibles Serovar eine günstige Resistenzsituation bei Salmonellen von Hähnchenschlachtkörpern suggerierte, die im Kontrast zu den Befunden auf Fleisch im Einzelhandel stand, wo andere Serovare wie beispielweise S. Infantis im Vordergrund waren. So standen 76,3 % vollständig sensible Isolate aus Hähnchenkarkassen gegenüber 55,6 % aus Proben von frischem Hähnchenfleisch.

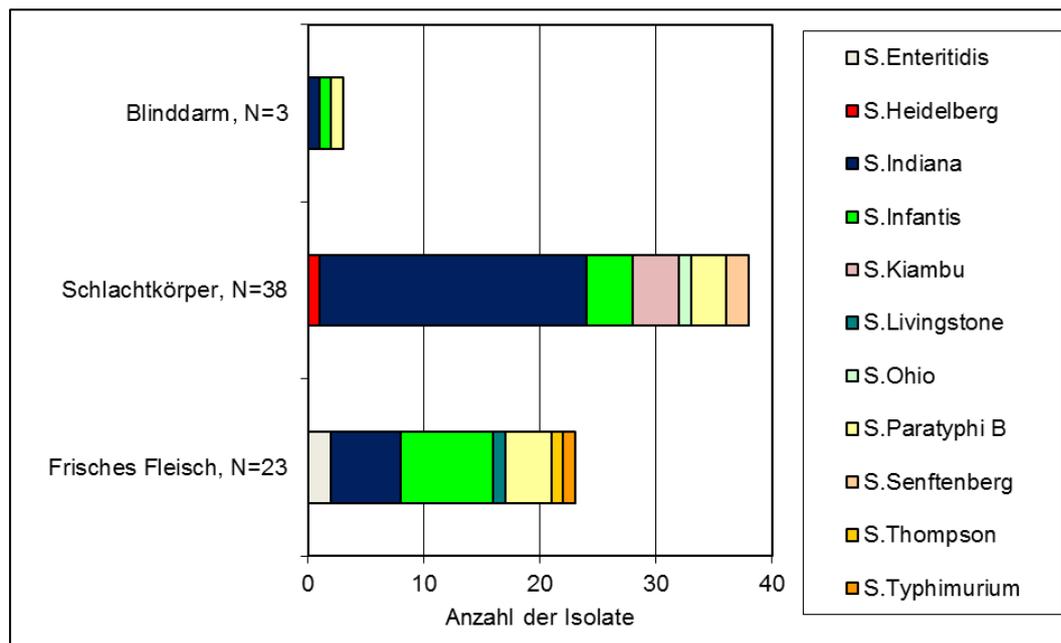


Abbildung 1: Salmonellen-Serovare in der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch im Zoonosen-Monitoring 2013.

Fall 2: Gehäuftes Auftreten von Salmonellen auf Schlachtkörpern von Puten, 2018

Im Zoonosen-Monitoring 2018 lag der Anteil der für Salmonellen positiven Schlachtkörper von Puten bei 22,7 % (BVL 2019) und damit deutlich höher als in den Jahren 2014 (7,1 %) und 2016 (11,9 %).

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

Bei der Betrachtung der Verteilung der positiven Befunde fiel wie in den Vorjahren eine Häufung positiver Befunde in einzelnen Schlachthöfen auf. Von den 91 eingesandten Isolaten stammten 79 (86,8 %) aus nur 3 Schlachthöfen, die damit Nachweisraten von 58,1 %, 37,2 % und 36,8 % hatten. Innerhalb dieser Schlachthöfe wurde in einem Schlachthof nur ein Serovar (*S. Agona*) nachgewiesen und in einem zweiten waren 34 von 36 Isolaten (94,4 %) vom selben Serovar (*S. Typhimurium*, monophasisch). Im dritten Schlachthof wurden neun unterschiedliche Serovare nachgewiesen mit einer Häufung von *S. Agona* und *S. subspez. I* (jeweils 9/36, 25,0 %).

Fall 3: Salmonellen auf Schlachtkörpern von Schweinen, 2018

Für den Nachweis von Salmonellen auf Schlachtkörpern von Schweinen gibt es ein Prozesshygienekriterium nach VO (EG) Nr. 2073/2005. Aufgrund eines Beschlusses der AG Fleisch- und Geflügelfleischhygiene und fachspezifische Fragen von Lebensmitteln tierischer Herkunft (AFFL) der Länderarbeitsgemeinschaft Verbraucherschutz werden im Rahmen des Zoonosen-Monitorings alljährlich Schlachtkörper von Schweinen nach der in der Verordnung vorgeschriebenen Methode auf das Vorkommen von Salmonellen untersucht. Gleichzeitig sind die Lebensmittelunternehmer gehalten, solche Untersuchungen im Rahmen ihrer Verantwortung zur Prüfung der Erfüllung des Prozesshygienekriteriums durchzuführen.

Im Zoonosen-Monitoring 2018 stieg der Anteil positiver Schlachtkörper im Vergleich zum Vorjahr an. Nach den Erfahrungen aus dem Bereich Geflügel wurde deshalb auch hier geprüft, ob es zwischen den Ländern Unterschiede in der Häufigkeit des Nachweises gab.

Insgesamt waren 5,1 % der Proben von Schlachtkörpern positiv, ein Wert der höher lag als in den letzten Jahren (2017: 2,9 %, 2015: 4,5 %) und der auch deutlich höher lag, als der aus den Untersuchungen der Lebensmittelunternehmer ermittelte Wert der letzten Jahre (0,8–2 %, seit 2016 nach VO (EU) Nr. 217/2014 der EU-Kommission mitteilungsspflichtig). Wie beim Geflügel stammten auch hier die meisten positiven Befunde von drei Schlachthöfen (14/20, 70 %).

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

Schlussfolgerungen

Eine weitergehende Analyse der im Rahmen des Zoonosen-Monitorings gewonnenen Daten dient vor allem der Bewertung der ermittelten Ergebnisse, da es für das Management von Risiken einen erheblichen Unterschied macht, ob eine Prävalenz gleichmäßig über Deutschland verteilt ist, oder ob es im Gegenteil regionale oder – wie in diesem Fall – schlachthof-spezifische Häufungen gibt.

Die vorgestellten Beispiele zeigen, dass es immer wieder zu schlachthofspezifischen Häufungen positiver Befunde kommt und dass diese mit Häufung bestimmter Serovare einhergehen. Zusammen mit dem gleichzeitig fehlenden Hinweis des Eintrages aus der Primärproduktion deutet dies auf die Etablierung dieser Serovare in dem jeweiligen Schlachthof hin. Es ist daher wichtig, die Hygiene der Fleischgewinnung in den Schlachthöfen engmaschig zu prüfen, um etwaige Fehlentwicklungen frühzeitig zu erkennen und dann im Einzelfall Gegenmaßnahmen ergreifen zu können.

Die vorgestellten Untersuchungen beschränken sich notwendigerweise auf wenige, größere Schlachthöfe, da die Probenzahl im Rahmen des Zoonosen-Monitorings aufgrund der angestrebten proportionalen Zuteilung der Proben zur Zahl der im Schlachthof geschlachteten Tiere zu gering ist. Dies bedeutet jedoch nicht, dass die Problematik der Häufung positiver Befunde nur ein Phänomen relativ großer Schlachthöfe sein muss. Allerdings sind solche Häufungen aufgrund der Größe der Schlachthöfe natürlich mit relativ großen Auswirkungen für die nachgelagerten Bereiche verbunden.

Danksagung

Analysen, wie die hier vorgestellte, wären ohne die kontinuierliche Arbeit der Beteiligten Behörden der Länder, der Kolleginnen und Kollegen des BVL sowie der Kolleginnen und Kollegen hier am BfR (v. a. NRL *Salmonella* und Fachgruppe 43) nicht möglich, weshalb allen Beteiligten hier nochmal ausdrücklich gedankt werden soll.

Literatur

1. BVL (2015) Berichte zur Lebensmittelsicherheit 2013 - Zoonosen-Monitoring: Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit.
2. BVL (2019) Berichte zur Lebensmittelsicherheit - Zoonosen-Monitoring 2018 p.im Druck. Berlin: Bundesamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit, www.bvl.bund.de.
3. EFSA and ECDC (2018) The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2017. *EFSA-Journal* 16.

3 Abstracts Poster

3.1 Salmonellen Monitoring in deutschen Putenmastbeständen 2006–2018

Livia Heimann, Hafez Mohamed Hafez, Sarah Brüggemann-Schwarze

Institut für Geflügelkrankheiten, Freie Universität Berlin

Salmonellen verursachen Durchfallerkrankungen und Lebensmittelintoxikationen beim Menschen. Trotz steigender hygienischer Anforderungen in allen Bereichen der Nutztierhaltungen wurden 2018 dem Robert Koch-Institut 13.529 humane Krankheitsfälle gemeldet (1). Geflügelprodukte stehen immer wieder im Verdacht, Auslöser von lebensmittelübertragenen Salmonelleninfektionen zu sein. Die Europäische Behörde für Lebensmittelsicherheit beobachtet seit 2014 europaweit einen Anstieg der humanen Krankheitsfälle und untersucht daher verstärkt beitragende Faktoren und Kontrollmöglichkeiten, unter anderem in der Putenmast (2).

Rechtliche Grundlage für die Bekämpfung und Kontrolle von Salmonellen und weiteren lebensmittelübertragenen Zoonoseerregern bildet die Verordnung (VO) EG Nr. 2160/2003. In dieser wurde für die zoonotisch besonders relevanten und pathogenen Serovare *Salmonella* Typhimurium und *Salmonella* Enteritidis eine Senkung der Prävalenz festgelegt (3). Ziel ist eine europaweite Prävalenz von maximal 1 % in Putenmastbetrieben für *Salmonella* Typhimurium und *Salmonella* Enteritidis (VO EG Nr. 1190/2012) (4).

Ziel der vorliegenden Arbeit ist eine Bestimmung der Salmonellen-Prävalenzen und die Analyse der vorkommenden Serovare in der Putenmast 2006–2018. Es wurden über 17.000 von mehr als 150 Putenmastbetrieben an unserem Institut untersucht. Die Proben wurden während der gesamten Mastperiode entnommen und enthielten Einstellungs-, Aufzucht- und Endmastuntersuchungen.

Proben für die Einstellungsuntersuchung (Kükenwindel/-transportpapier) sowie für die Aufzucht- und Endmastuntersuchungen (Stiefelüberzieherproben) wurden nach festgelegten Methoden genommen (VO EG Nr. 1190/2012) und untersucht (EN ISO 6579-1:2017) (5). Zusammengefasst folgte die Untersuchung dem vorgeschriebenen vierschriftigen Verfahren: 1) Voranreicherung in gepuffertem Peptonwasser; 2) Selektivanreicherung auf modifiziertem halbfestem Rappaport-Vassiliadis Medium; 3) Selektion mittels Xylose-Lysin-Desoxycholat-Agar und Rambach Agar; 4) biochemische/serologische Speziesbestätigung. Im Falle einer positiven Salmonellenuntersuchung erfolgte die *Salmonella* Serotypisierung des Isolates am Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), wo ebenfalls ein Antibiotogramm für bis zu 19 verschiedene Antibiotika erstellt wurde.

Die Ergebnisse zeigen insgesamt eine Reduktion der isolierten Salmonellen bei Mastputenbetrieben im Zeitraum 2006–2018. Die Prävalenz positiver Untersuchungen sank in dieser Zeit von 5,8 % auf 1,3 %. Einen Ausreißer gab es im Jahr 2010 mit 7,9 %.

Die isolierten Salmonellen Serovare variierten je nach Untersuchungsjahr. 2007–2010 trat *Salmonella* Saintpaul am häufigsten auf (35–63 % aller positiven Proben). In den Jahren 2012 (35,5 %), 2015 (27,27 %) und 2018 (60,7 %) war *Salmonella* Typhimurium das dominierende Serovar.

Bezüglich des nach VO EG Nr. 1190/2012 festgelegten Gesamtziels lässt sich feststellen, dass nach unseren Daten *Salmonella* Typhimurium und *Salmonella* Enteritidis im Zeitraum 2006–2018 unter 1 % lagen und somit das Gesamtziel in unserer Probensammlung erreicht wurde.

Allgemein kann festgestellt werden, dass es seit dem Beginn der Monitoring-Programme zu einer Reduktion der isolierten Salmonellen aus Putenmastbetrieben gekommen ist. *Salmonella* Typhimurium und *Salmonella* Enteritidis kommen weiterhin vor und stellen bis heute eine Herausforderung für Landwirte und Tierärzte dar. Unterschiedliche Salmonellenserovare kommen vor und wechseln sich über die Jahre ab.

Literatur

1. Robert Koch-Institut, Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2018, S. 210–213, Berlin, 2019
2. European Food Safety Authority Panel on Biological Hazards, Koutsoumanis K, Allende A, Alvarez-Ordóñez A, Bolton D, Bover-Cid S, Chemaly M, De Cesare A, Herman L, Hilbert F, Lindqvist R, Nauta M, Peixe L, Ru G, Simmons M, Skandamis P, Suffredini E, Dewulf J, Hald T, Michel V, Taina N, Ricci A, Snary E, Boelaert F, Messens W and Davies R, 2019. Scientific Opinion on the Salmonella control in poultry flocks and its public health impact. EFSA Journal 2019;17(2):5596
3. VERORDNUNG (EG) Nr. 2160/2003 DES EUROPÄISCHEN PARLAMENTS UND DES RATES vom 17. November 2003 zur Bekämpfung von Salmonellen und bestimmten anderen durch Lebensmittel übertragbaren Zoonoseerregern, Amtsblatt der Europäischen Union L 325/1- L 325/15
4. VERORDNUNG (EU) Nr. 1190/2012 DER KOMMISSION vom 12. Dezember 2012 über ein EU-Ziel zur Verringerung von *Salmonella* Enteritidis und *Salmonella* Typhimurium bei Truthühnerherden gemäß der Verordnung (EG) Nr. 2160/2003 des Europäischen Parlaments und des Rates
5. Deutsches Institut für Normung e. V., 2017, DIN EN ISO 6579-1:2017-07 (D), Mikrobiologie der Lebensmittelkette - Horizontales Verfahren zum Nachweis, zur Zählung und zur Serotypisierung von Salmonellen-Teil 1: Nachweis von *Salmonella* spp. (ISO 6579-1:2017), Deutsche Fassung EN ISO 6579-1:2017

4 Autorenverzeichnis

- Alt, Katja 11, 39
Alter, Thomas 43
Bandick, Niels 15, 17
Bereswill, Stefan 43
Bettridge, Judy M. 57
Bier, Nadja 15
Brüggemann-Schwarze, Sarah 67
Buhler, Christiane 39
Buschhardt, Tasia 37
Buschulte, Anja 47
Choudhury, B. 27
Emirhar, Duygu 61
Falenski, Alexander 23
Filter, Matthias 37
Fischer, Jenny 59
Fridez, Françoise 35
Gassowski, Martyna 31
Gerber, Isaak 23
Gottschald, Marion 23
Gremse, Carl 15
Grierson, S. 27
Günther, Taras 37
Hadziabdic, Sead 59
Hafez, Hafez Mohamed 67
Harlizius, Jürgen 53
Heimann, Livia 67
Helmeke, Carina 31
Jäckel, Claudia 15
Johne, Annette 15
Johne, Reimar 25
Käsbohrer, Annemarie 23, 49
Kästner, Carolyn 15
Knüver, Marie-Theres 39
Lahrssen-Wiederholt, Monika 15
Lambrecht, Claudia 53
Lewicki, Birgit 23
Löbert, Sandra 53
Luber, Petra 19
Lüthi, Thomas 35
Malorny, Burkhard 59
Marosevic, Durdica 31
Meinen, Anika 21
Messelhäuser, Ute 41
Michaelis, Kai 31
Mikolajetz, Ursula 19
Nöckler, Karsten 15
Reckzeh, Claudia 19
Reich, Felix 17
Reinhard, Marie 15
Richter, Martin 15
Rügen, Marco 23
Schulze-Horsel, Theodor 53
Schütze, Sabine 53
Schwarz, Bernd-Andreas 53
Smith, R. 27
Stingl, Kerstin 17, 39
Stollberg, Kaya Christina 15
Suijkerbuijk, Anita 33
Szabo, Istvan 53, 59
Tenhagen, Bernd-Alois 39, 63
Thieck, Maja 39
Tolksdorf, Thomas 17
Tölle, Dominic 23
Wagner, Cornelia 35
Weiser, Armin A. 23
Wenzel, Jürgen 31
Withenshaw, S. 27