

Bundesinstitut für Risikobewertung

Zoonosen und Lebensmittelsicherheit

BfR-Symposium am 10. und 11. November 2014

Impressum

BfR Abstracts

Zoonosen und Lebensmittelsicherheit
BfR-Symposium 10. und 11.11.2014, Berlin

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

Berlin 2014
60 Seiten

Druck: Inhalt und buchbinderische Verarbeitung
BfR-Hausdruckerei Marienfelde

Download als kostenfreies PDF unter www.bfr.bund.de

Inhalt

1	Vorwort	5
2	Abstracts	7
2.1	Fünf Jahre Zoonosen-Monitoring – Bewertung der Ergebnisse	7
2.2	Welchen Nutzen ziehen die Länder aus dem Monitoring?	10
2.3	Monitoring von Zoonoseerregern in der Schweiz	12
2.4	Erfahrungen bei der Umsetzung der risikoorientierten Fleischuntersuchung in der Praxis	14
2.5	Stand der Salmonellenbekämpfung beim Geflügel	16
2.6	Salmonellenbekämpfung beim Schwein in Deutschland	19
2.7	Control of <i>Salmonella</i> in Belgian Swine Herds	21
2.8	Tuberkulose beim Rind – Neues von einer alten Krankheit	23
2.9	Q-Fieber: Eine anhaltende Herausforderung für Wissenschaft und öffentliches Veterinärwesen	25
2.10	Viszeraler Botulismus – Ergebnisse eines Forschungsprojektes	27
2.11	Globale Warenketten erzeugen globale Risiken Prädiktive Mikrobiologie in der Risikobewertung –	30 32
2.12	PMM-Lab als Werkzeug	32
2.13	Produktschutz – ein weiterer Baustein des Verbraucherschutzes	35
2.14	Tracing the Bug – Tools zur Vorwärts- und Rückverfolgung von Lebensmitteln	37
2.15	Public perceptions, knowledge, preventive behavior and sources of information during a large-scale <i>Salmonella</i> outbreak in the Netherlands: An online survey	40
2.16	Understanding Domestic Food Safety Practices – Analysis of the UK Food and You Survey	43
2.17	<i>Campylobacter</i> Interventions: Consumer Acceptability	44
2.18	Chlorhähnchen und Lebensmittelsicherheit	45
2.19	Die im Dunklen sieht man nicht – Konkurrenzflora als Problem der <i>Campylobacter</i> -Diagnostik	46
2.20	Staphylokokkentoxine – Das heimliche Gift	47
2.21	Characterization of porcine and human <i>Yersinia enterocolitica</i> biotype 4 isolates	49
2.22	Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung (FISH) zum Erregernachweis in Lebensmitteln	50
2.23	Lebensmittelbedingte Ausbruchsuntersuchungen in der Ära der Next-Generation-Sequenzierung	52
2.24	Muscheln, Beeren und Co. – Ursachen viraler Lebensmittelinfektionen	55
2.25	Noroviren – keine Eintagsfliege auf Erdbeeren	57
2.26	Hepatitis E – Eine neue Lebensmittel-übertragene Zoonose in Deutschland?	59
2.27	Trichinellose – eine vergessene Zoonose?	60

1 Vorwort

Sehr geehrte Kollegen und Kolleginnen,
sehr geehrte Gäste,

wir heißen Sie im BfR recht herzlich zum Symposium „Zoonosen und Lebensmittelsicherheit“ willkommen!

In diesem Jahr können wir Daten aus mittlerweile fünf Jahren Zoonosen-Monitoring resümieren und werden auch eine Bewertung aus Sicht der Länder präsentiert bekommen. Mit dem nunmehr 3. Symposium Zoonosen und Lebensmittelsicherheit setzt das BfR eine Reihe fort, die 2009 begann.

Die Themen des Symposiums ähneln sich über die Jahre, zeigen aber auch Entwicklungen auf. So stellten wir vor fünf Jahren das Zoonosen-Monitoring als neues Mittel der Datenerhebung zur Prävalenz von Zoonoseerregern in der Lebensmittelkette vor. Die seitdem durchgeführten Programme verdeutlichen, dass es in einigen Bereichen zu deutlichen Verbesserungen gekommen ist. So ist die Zahl der Erkrankungen an Salmonellose beim Menschen deutlich zurückgegangen. Parallel dazu, und vermutlich ursächlich am Rückgang der Fälle beim Menschen beteiligt, ist auch die Belastung der Geflügelbestände mit diesen Erregern durch konsequente Bekämpfungsmaßnahmen gesenkt worden. Nicht zurückgegangen ist dagegen die Belastung der Schweinebestände. Hier gilt es zu diskutieren, welche Maßnahmen ergriffen werden sollten.

Bei der Belastung von Geflügelfleisch mit *Campylobacter* und bei der Zahl der Humanerkrankungen gibt es auch wenig Fortschritte. Die Frage nach weiteren Maßnahmen zur Reduktion der Belastung auf den Schlachtkörpern steht noch immer auf der Tagesordnung. Sie hat im Rahmen der Diskussionen um das Freihandelsabkommen mit den USA und unter dem Stichwort „Chlorhühnchen“ erhebliche mediale Aufmerksamkeit gefunden.

Der freie Handel mit Waren und Dienstleistungen ist mit vielen Vorteilen für die Exportnation Deutschland verbunden, birgt aber im Hinblick auf die Lebensmittelsicherheit auch Risiken, deren Abschätzung sich das BfR im Rahmen von Forschungsvorhaben zur Sicherung von Warenketten gestellt hat. Auch darüber werden Sie mehr erfahren.

Das BfR betont immer wieder die komplementäre Rolle der Verbraucherinnen und Verbraucher. Ohne eine angemessene Küchenhygiene können auch Lebensmittel höchster Qualität Risiken bergen. Wie aber wird diese Frage von den Verbraucherinnen gesehen? Als interdisziplinäre Einrichtung stellt sich das BfR auch dieser Frage im Austausch mit internationalen Partnern wie der Food Standards Agency und dem niederländischen Partnerinstitut Rijksinstituut voor Volksgezondheid en Milieu.

Die Themenschwerpunkte werden ergänzt durch Beiträge zu Fragen, die in der öffentlichen Wahrnehmung nicht so sehr im Mittelpunkt stehen, für die Arbeit der Risikobewertung und auch des Risikomanagements aber von hoher Bedeutung sind. Dies sind u.a. Probleme des Nachweises der Erreger, aber auch der Einschätzung und Bewertung von Problemen oder Erregern, die bisher nicht im Fokus von „Zoonosen und Lebensmittelsicherheit“ standen.

In den nächsten zwei Tagen wird Ihnen mit 29 Vorträgen eine Übersicht über bedeutsame und aktuelle Fragestellungen und Bewertungen zu Zoonosen im Kontext der Lebensmittelsicherheit vorgestellt. Hierzu konnten wir eine Vielzahl von externen Experten und Expertinnen von Universitäten und anderen Forschungseinrichtungen gewinnen, aber auch engagierte Mitarbeiter und Mitarbeiterinnen aus dem BfR und anderen Bundes- und Landesinstituten werden ihren aktuellen Kenntnisstand präsentieren.

Alle Mitarbeiter der Abteilung Biologische Sicherheit des BfR wünschen Ihnen eine erfolgreiche Tagung und angenehme Tage in Berlin.

Bernd Appel
Leiter der Abteilung 4, BfR

2 Abstracts

2.1 Fünf Jahre Zoonosen-Monitoring – Bewertung der Ergebnisse

Bernd-Alois Tenhagen, Annemarie Käsbohrer
Bundesinstitut für Risikokommunikation, Fachgruppe Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz

Einleitung

Seit fünf Jahren führen Bund und Länder gemeinsam das Zoonosen-Monitoring nach abgestimmten Stichprobenplänen mit einheitlichen Vorgaben für die Probenahmen und Untersuchungsmethoden durch. Grundlage dafür ist die Allgemeine Verwaltungsvorschrift Zoonosen Lebensmittelkette, in der die jeweiligen Verfahren der Abstimmung der Stichprobenpläne, ihrer Umsetzung, der Meldung der Daten und der Übersendung der Isolate aus den Proben grundsätzlich festgelegt sind.

In den fünf Jahren wurden von der Futtermittel-Rohware bis zum Lebensmittel im Einzelhandel Proben gewonnen und von den Untersuchungseinrichtungen der Länder auf die jeweiligen festgelegten Bakterienspezies untersucht. Bei den Erregern dominierten die beiden aktuell bedeutendsten Zoonoseerreger, *Salmonella* und *Campylobacter*. Es wurden aber auch Proben auf verotoxinbildende *E. coli* und *Listeria monocytogenes* untersucht.

Neben diesen „klassischen“ Zoonoseerregern wurden aus den Proben auch kommensale *E. coli* und Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA) zur Resistenztestung gewonnen. In den letzten Jahren kamen gezielte Untersuchungen auf ESBL/AmpC bildende *E. coli* zum Spektrum der Untersuchungen dazu.

Die Ergebnisse der Untersuchung der Keime auf Antibiotikaresistenz sind nicht Gegenstand des vorliegenden Beitrags

Mit dem Zoonosen-Monitoring steht uns ein Rahmen zur Verfügung, in dem relativ schnell systematisch repräsentative Daten zu Zoonoseerregern und anderen humanmedizinisch relevanten Keimen aus der Lebensmittelkette gewonnen werden können. Über eine Expertengruppe, den Ausschuss Zoonosen und die intensive Kommunikation im Rahmen der Erstellung der Stichprobenpläne gibt es darüber hinaus ein Forum, in dem sich Bund und Länder ergebnisorientiert über die Prioritäten des Monitoring austauschen können und so die vorhandene, zum Teil auch sehr spezifische Expertise in den Ländern in das nationale Monitoring eingebunden werden kann.

Ergebnisse

Salmonella

Salmonellen waren über Jahre die wichtigsten Erreger von lebensmittelassoziierten Erkrankungen in Deutschland und auch in Europa. In der Europäischen Union wurde zeitgleich mit der Verabschiedung der Zoonoserichtlinie 2003/99/EG auch die Bekämpfungsverordnung VO (EG) Nr. 2160/2003 verabschiedet, die eine systematische Bekämpfung von Salmonellen insbesondere in Geflügelbeständen vorsieht. Im Rahmen der Bekämpfungsverordnung werden systematisch Proben aus Geflügelhaltungen auf Salmonellen untersucht, sodass der Schwerpunkt der Salmonellen-Programme im Zoonosen-Monitoring auf der Probenahme im Schlachthof (Dickdarm-/Blinddarmproben, Schlachtkörperproben) sowie im Einzelhandel (v.a. Fleisch, aber auch Eier) lag. Im Geflügelbereich zeigte sich, dass der Rückgang der Belastung der Geflügelbestände mit Salmonellen sich auch in der Prävalenz von Salmonellen in Kotdarmproben von Masthühnern und Puten am Schlachthof darstellte. Hier wurde

beim Masthähnchen zwischen 2008, dem Jahr vor dem ersten Jahr des Zoonosen-Monitorings, und 2013, dem letzten ausgewerteten Jahr, ein Rückgang von 7,8 % auf etwa 1 % positiver Poolproben verzeichnet. Bei den Puten gab es zwischen 2010 und 2012 einen Rückgang der *Salmonella*-Nachweise von 3,6 % auf 1,7 % der untersuchten Schlachtchargen.

Auch die Belastung der Schlachtkörper reduzierte sich in dieser Zeit, jedoch weniger deutlich als die Belastung der Kotproben. Es zeigte sich, dass bei Puten und Masthühnern der Anteil *Salmonella*-positiver Schlachtkörper in jedem Untersuchungsjahr deutlich höher lag als der Anteil der Kotproben aus dem Blinddarm.

Es zeigte sich aber auch, dass zwischen den Schlachthöfen zum Teil erhebliche Unterschiede bestanden im Hinblick auf die Häufigkeit der *Salmonella*-Kontamination der Schlachtkörper. So wurde 2012 von einem Bundesland sehr häufig eine Besiedelung von Putenschlachtkörpern mit *S. Indiana* festgestellt. Dieses Serovar war in der Tierhaltung im Rahmen der Bekämpfung in dem Jahr nicht nachgewiesen worden. Im Jahr 2013 ergab sich eine ähnliche Situation bei Masthuhnschlachtkörpern aus einem anderen Bundesland. Die beiden Beispiele verdeutlichen, dass spezifische Probleme in einzelnen Schlachthöfen erheblich zum Ergebnis der Gesamtschätzung beitragen können.

Salmonellen beim Schwein wurden im Rahmen des Zoonosen-Monitorings auch in der Primärproduktion untersucht, da es hier bisher kein Bekämpfungsprogramm gibt, in dem die Prävalenz von Salmonellen in den Schweinebeständen erhoben wird.

Es zeigte sich, dass Salmonellen in Beständen von Mastschweinen verbreitet vorkommen und von daher mit einem erheblichen Eintrag in den Schlachthof zu rechnen ist. Allerdings zeigte die Untersuchung von Schlachtkörpern und insbesondere Fleisch, dass es im Rahmen des Schlachtprozesses gelingt, die Belastung der Schlachtkörper mit Salmonellen zu begrenzen. Untersuchungen in Rinderbeständen wurden aufgrund der Interferenzen mit dem Tierseuchenrecht nicht durchgeführt. Im Rindfleisch wurden aber – wie im Schweinefleisch – nur relativ selten Salmonellen nachgewiesen.

Campylobacter

Im Gegensatz zur insgesamt erfreulichen Entwicklung bei den Salmonellen beim Geflügel wurden bei der Verbreitung von *Campylobacter* in der Lebensmittelkette keine wesentlichen Erfolge erzielt. Die Ergebnisse der Programme zeigten, dass *Campylobacter* bei allen untersuchten Nutztierarten im Darm vorkommen, dass aber vor allem Geflügelschlachtkörper und Geflügelfleisch mit dem Keim kontaminiert sind, während Schlachtkörper und Fleisch von Rindern und Schweinen deutlich seltener nachweisbar mit *Campylobacter* behaftet sind. In Verbindung mit den Ergebnissen zu Salmonellen auf Schlachtkörpern und Fleisch unterstreichen die Nachweisraten von *Campylobacter*, dass der Prozess der Fleischgewinnung beim Geflügel die Übertragung von Keimen von den Tieren auf die Schlachtkörper nicht in ausreichendem Umfang unterbindet. Quantitative Untersuchungen auf *Campylobacter* zeigten darüber hinaus, dass die Belastung der Schlachtkörper z.T. erheblich ist, die Belastung von Fleisch im Einzelhandel hingegen geringer.

Verotoxinbildende *E. coli*

Verotoxinbildende *E. coli* sind insbesondere bei Rindern und von Rindern gewonnenen Lebensmitteln häufig anzutreffen. Dabei zeigen die Ergebnisse des Monitorings, dass die Serogruppen von VTEC, die in der Humanmedizin bei den gemeldeten EHEC- und HUS-Infektionen am häufigsten nachgewiesen werden, auch in den Lebensmittelketten Rindfleisch und Kalbfleisch häufig zu finden sind. Neben diesen Lebensmittelketten ist auch Fleisch von Wildwiederkäuern häufig mit VTEC kontaminiert.

Listeria monocytogenes

Listeria monocytogenes wurde im Rahmen des Zoonosen-Monitorings in sehr unterschiedlichen Matrices nachgewiesen. In den Jahren 2010 und 2011 wurde darüber hinaus eine EU-weite Grundlagenstudie über das Vorkommen von *L. monocytogenes* in bestimmten Lebensmitteln (v.a. Käse und Fisch) durchgeführt. Die Ergebnisse zeigen, dass *L. monocytogenes* in Lebensmitteln, aber auch in der landwirtschaftlichen Tierhaltung nachgewiesen werden können. Die geschätzte Prävalenz in den meisten Lebensmitteln ist gering, es kommen aber immer wieder auch Lebensmittel zur Untersuchung, die mehr als die von der Verordnung über mikrobiologische Kriterien (VO [EG] No. 2073/2005) vorgegebenen Grenzwert von 100 KbE/g von *L. monocytogenes* enthalten.

Zusammenfassende Bewertung

Insgesamt zeigen die Ergebnisse des Monitorings, dass die Erzeugung und Gewinnung von Fleisch mit sehr unterschiedlichen Herausforderungen konfrontiert ist. Dies ist auf der einen Seite die Kontrolle von Keimen im Erzeugerbetrieb, wie dies zum Beispiel bei Salmonellen und Geflügel mit einigem Erfolg praktiziert wird. In anderen Bereichen gibt es diesbezüglich bisher weniger Erfolge (z.B. Salmonellen in Schweineerzeugerbetrieben).

Die Ergebnisse zeigen auch, dass Bekämpfungserfolge in der landwirtschaftlichen Tierhaltung sich zwar auch in den Kontaminationsraten der erzeugten Lebensmittel widerspiegeln, dass die hygienische Qualität der Lebensmittelgewinnung zum Teil aber mit einer deutlichen Kontamination des Schlachtkörpers einhergeht, sodass Erfolge in der Tierhaltung auf diesem Weg konterkariert werden. Hier gilt es insbesondere bei der Gewinnung von Geflügelfleisch noch Fortschritte zu erzielen.

Der Umfang der Fragestellungen, die im Rahmen des Zoonosen-Monitorings bearbeitet werden können, ist allerdings begrenzt. So können häufig keine umfassenden Vergleiche der nachgewiesenen Subtypen der Erreger vorgenommen werden. In einer detaillierteren Analyse der Daten zu MRSA konnte gezeigt werden, dass die Isolattypen auf den Schlachtkörpern und im Fleisch in der überwiegenden Mehrzahl auch in der Tierhaltung zu finden waren, was die Hypothese einer Verschleppung entlang der Lebensmittelkette auch für diese Keime unterstützt. Es konnte aber auch gezeigt werden, dass die Variabilität der Isolate entlang der Kette eher zunimmt, was auf einen zusätzlichen Eintrag von außen hindeutet, dessen Bedeutung allerdings noch weiter beleuchtet werden muss.

Die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings unterstreichen, dass auf allen Ebenen der Produktion Anstrengungen erforderlich sind, da bei der alleinigen Fokussierung auf einen Aspekt, andere Teilabschnitte der Lebensmittelkette zu einer erheblichen (Re-)Kontamination des Lebensmittels Fleisch beitragen können.

Mit dem Zoonosen-Monitoring steht ein Instrumentarium zur Verfügung, das es den Behörden der Länder und des Bundes erlaubt, einerseits verlässliche und repräsentative Daten zum Vorkommen der Erreger auf den verschiedenen Stufen der Lebensmittelkette zu gewinnen und damit die Schwerpunkte der bestehenden Herausforderungen zu identifizieren. Andererseits kann das Zoonosen-Monitoring durch die Kombination von Prävalenzschätzung und Erregercharakterisierung einen wichtigen Beitrag zur Abschätzung der Quellen und Expositionswege von Zoonoseerregern für den Menschen leisten. Schließlich kann das Zoonosen-Monitoring helfen, spezifische, auch regionale Herausforderungen zu identifizieren, und damit den risikobasierten Ansatz der Lebensmittelüberwachung stützen.

2.2 Welchen Nutzen ziehen die Länder aus dem Monitoring?

Rolf Kamphausen

Ministerium für Klimaschutz, Umwelt, Landwirtschaft, Natur- und Verbraucherschutz NRW, Düsseldorf

Im Juli 2008 wurde die Allgemeine Verwaltungsvorschrift über die Erfassung, Auswertung und Veröffentlichung von Daten über das Auftreten von Zoonosen und Zoonoseerregern entlang der Lebensmittelkette (AVV Zoonosen Lebensmittelkette) verabschiedet und ist in Kraft getreten.

Mit dieser Allgemeinen Verwaltungsvorschrift sollten noch fehlende Elemente der Richtlinie 2003/99/EG zur Überwachung von Zoonosen und Zoonoseerregern in deutsches Recht umgesetzt werden. Die Ergebnisse wurden bereits vorgestellt bzw. Elemente davon werden noch vorgestellt werden. Zurzeit wird die dritte Fassung der AVV Zoonosen Lebensmittelkette erstellt, um dieses Monitoring in den nächsten Jahren festzulegen. In das Monitoring der Zoonoseerregere wurden auch die Überwachung der Antibiotikaresistenzen sowie die Dokumentation lebensmittelbedingter Krankheitsausbrüche mit aufgenommen. In den ersten beiden Durchgängen konnte ein System entwickelt werden, das es den Ländern gestattet, durch die gesamte Lebensmittelkette von der Primärproduktion bis hin zum Verbraucher stufen- und bereichsübergreifend Daten zu erheben und auszuwerten. Mittlerweile wurden Zoonosefragestellungen bei Futtermitteln eingebunden und am Beispiel *Trichinella* können auch Wildtiere mit in das Monitoring aufgenommen werden, um den Infektionsdruck auf die Nutztierpopulation einschätzen zu können.

Für die Länder bietet die AVV Zoonosemonitoring Lebensmittelkette die Möglichkeit, kohärent und untereinander abgestimmt die Anforderungen der Richtlinie 99/2003/EG umzusetzen und so gegenüber der EU und den anderen Mitgliedstaaten ihren Verpflichtungen nachzukommen.

Neben diesem rein formalen Aspekt bedeutet dies, dass sich bereits jetzt ein immer dichter werdendes Bild der Prävalenzen bestimmter Zoonoseerregere abzeichnet. Neben den Schlaglichtern bei den Lebensmitteln direkt sind es vor allen Dingen die Erkenntnisse, in welchen Bereichen Zoonoseerregere durch die verschiedenen Ebenen der Lebensmittelkette gelangen können. Dadurch wird eine Grundlage geschaffen, sowohl in der Überwachung als auch im Rahmen der Eigenkontrollen der Lebensmittelindustrie kritische Punkte zwischen den Stufen der Lebensmittelkette zu identifizieren und entsprechende Kontroll- und Präventionsinstrumentarien zu entwickeln.

Im Mehrjährigen Nationalen Kontrollplan ist als strategisches Ziel festgelegt, Systeme zu entwickeln, um den Eintrag von Zoonoseerregern in der gesamten Lebensmittelkette zu reduzieren. Die Ergebnisse der AVV Zoonosen bieten auch hier eine gute Grundlage, um Handlungsoptionen aufzubauen. Die Einbindung der Futtermittel war nur folgerichtig aus den Gesamtüberlegungen zur Lebensmittelkette. Gerade die aktuellen Änderungen im Bereich der Trichinen-Überwachung haben deutlich gemacht, dass es über die direkte Lebensmittelkette hinaus dringend notwendig ist, mehr Informationen über den Infektionsdruck aus Wildtierpopulationen auf die Nutztierpopulation zu erhalten.

Nachdem die Analysen der Antibiotikaresistenzen in den ersten Jahren eher eine Dokumentation des Vorhandenen schienen, hat sich das Monitoring hier mittlerweile zu einem wichtigen Instrument entwickelt, mit dem gezeigt werden kann und das in der Lage ist, die Verbreitung einzelner Antibiotikaresistenzen durch Bakterienpopulationen und in den unterschiedlichen Feldern von der Primärproduktion bis hin zum Krankheitsgeschehen beim Menschen darzustellen. Auch dieses Bild ist eine wichtige Grundlage, um weitere Überwachungskonzeptionen und Reduzierungsstrategien darauf aufzubauen.

Die Datenerfassung zu lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen ist in stetiger Entwicklung. In diesen Fällen kulminieren sämtliche Fragestellungen aus dem Bereich der Zoonosenüberwachung. Eine umfassende Datenanalyse ist nötig, hier gezielte Präventionen zu ermöglichen.

Insgesamt haben wir mit der Durchführung der AVV Zoonosen Lebensmittelkette in wenigen Jahren erreicht, eine Übersicht über die Lage sowohl bei den unterschiedlichsten Lebensmitteln als auch auf den diversen Stufen der Lebensmittelkette darstellen zu können. Dies muss fachlich und risikobasiert weiter entwickelt werden. Eine Begrenzung der Probenzahl erfolgte letztendlich nur aus administrativen Gründen. Hier ist zu prüfen, ob nicht fachlich deutlich breiter und größer angelegte Programme erheblich weitere Fortschritte bringen können. Entscheidender Punkt in der gesamten Durchführung ist immer die enge wissenschaftliche Vorbereitung, Begleitung und Auswertung gewesen. Eine reine Datensammlung führt zu keinen Erkenntnissen. Hier bedarf es der Expertise der Risikobewerter und der Epidemiologen, um die Erkenntnisse so in die Folgeprogramme einzubringen, dass sie sinnvoll weiterentwickelt werden können.

2.3 Monitoring von Zoonoseerregern in der Schweiz

Gertraud Schüpbach¹, Jürg Danuser²

¹ Veterinary Public Health Institut, Vetsuisse Fakultät Universität Bern, Schweiz

² Bundesamt für Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen, Bern, Schweiz

Die Überwachung von Zoonosen soll Informationen zur Häufigkeit von Zoonoseerregern auf allen Stufen der Produktionskette und beim Menschen liefern. Diese Daten sind eine wichtige Grundlage für Kontrollmaßnahmen und die Prävention der Erkrankung bei Mensch und Tier. Weitere Ziele des Monitoring sind die Früherkennung von neu auftretenden Zoonosen sowie der Nachweis der Seuchenfreiheit bei Zoonosen, die nicht oder nicht mehr in einem Land vorkommen. Die Überwachung von Zoonosen in der Schweiz ist äquivalent zur EU und die Resultate der Überwachung werden im Zoonosenbericht der EFSA publiziert (EFSA und ECDC 2014). Zusätzlich erscheint ein nationaler Bericht zu Überwachung von Tierseuchen und Zoonosen (BLV 2014). Die Überwachung von Zoonosen erfolgt aufgrund von sehr unterschiedlichen Zielstellungen. Deshalb kommen auch viele unterschiedliche Methoden zur Anwendung. Im vorliegenden Referat werden epidemiologische Grundlagen der Zoonosenüberwachung anhand von Beispielen zu verschiedenen Monitoring- und Surveillance-Systemen dargestellt.

Zoonosen werden teils durch aktive Beprobung und Untersuchung von Tieren und Lebensmitteln und teils durch ein rein passives Monitoring (d.h. Meldung von klinischen Fällen und Laborbefunden) überwacht. Die aktive Überwachung hat den Vorteil, dass sie für bessere Vergleichbarkeit der Situation in verschiedenen Regionen und für eine bessere Repräsentativität der untersuchten Proben sorgen kann. Außerdem können in der aktiven Überwachung auch latente Zoonosen ohne Krankheitssymptome beim Tier und Zoonoseerreger mit weniger typischen Symptomen zuverlässig erkannt werden. Dagegen bedeutet die aktive Überwachung einen großen Aufwand und hohe Kosten für Probennahme und Laboruntersuchung. Ein weiterer Nachteil ist, dass pro Zeiteinheit nur ein sehr kleiner Teil der Population überwacht werden kann. Für die Früherkennung einer Ausbreitung von Zoonoseerregern ist aktive Überwachung deshalb nur bedingt geeignet. Dazu kommt, dass neue Erreger in diesen Monitoringprogrammen in der Regel gar nicht erfasst werden.

Modellierungen der Sensitivität von verschiedenen Komponenten von Überwachungsprogrammen mit der Scenario-Tree-Methode zeigen, dass eine gute passive Überwachung den aktiven Systemen sowohl hinsichtlich der Sensitivität als auch in Bezug auf die Kosteneffizienz deutlich überlegen ist. Ein Schwerpunkt der Überwachung von Tierseuchen und Zoonosen in der Schweiz ist deshalb die Förderung der „Disease awareness“ sowie der Meldung und genaueren Abklärung von auffälligen Beobachtungen. Durch den Bereich Früherkennung des Bundesamts für Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen wurden zwei neue Projekte zu diesem Ziel lanciert. Im Lymphknotenmonitoring LyMon wurden Fleischinspektoren dazu aufgefordert, unspezifisch verändertes lymphatisches Gewebe zur Untersuchung einzusenden. Das Ziel ist dabei insbesondere die frühzeitige Erkennung einer eventuellen Ausbreitung der Tuberkulose. Im Jahr 2013 wurden 20 Proben mittels Ziehl-Neelsen-Färbung und PCR-negativ auf *M. tuberculosis*-Komplex untersucht.

Das Projekt PathoPig zielt auf die Früherkennung von Tierseuchen, Krankheiten und Zoonosen beim Schwein. Durch das Projekt werden pathologisch-anatomische Untersuchungen von Schweinen mit außergewöhnlichen Symptomen und von Todesfällen mit unklarer Ursache finanziert. Dies soll helfen, die Gesundheit der Schweinepopulation besser einschätzen zu können, die Tiergesundheit zu verbessern und den Antibiotikaeinsatz zu vermindern. Im ersten Halbjahr 2014 wurden 144 Fälle untersucht. Bei 69 % der Untersuchungen wurde eine eindeutige Ursache für das Problem festgestellt. Der häufigste Untersuchungsgrund waren Probleme des Gastrointestinaltrakts (60 % der Fälle), wobei *E. coli* als wichtigster Erreger identifiziert wurde (45 % der Betriebe mit Problemen des Gastrointestinaltrakts).

Ein Spezialfall der Überwachung ist der Nachweis der Seuchenfreiheit, der in der Schweiz zum Beispiel für *Brucella melitensis* jährlich durchgeführt wird. Das Ziel dieser Monitoringprogramme ist es, eine Krankheit zu entdecken, wenn sie mindestens mit einer bestimmten Häufigkeit (Schwellenprävalenz) in der Tierpopulation vorkommt. Da der Erreger bereits entdeckt werden sollte, wenn 0,2 % der Herden infiziert sind, muss eine große Zahl Betriebe untersucht werden, um dieses Ziel zu erreichen. Die Kosteneffizienz dieser Programme konnte durch risikobasierte Überwachung markant verbessert werden. Da die Schweiz bereits seit vielen Jahren frei von *Brucella melitensis* ist, kann das Vorwissen zu dieser Erkrankung genutzt werden. Die Wahrscheinlichkeit, dass der Erreger im aktuellen Jahr in der Schweiz vorkommt, setzt sich aus der Wahrscheinlichkeit, dass die Krankheit im letzten Jahr neu eingeschleppt wurde, und einer (sehr kleinen) Restwahrscheinlichkeit, dass der Erreger im Monitoring des letzten Jahres nicht entdeckt wurde, zusammen. Mit diesem Vorwissen muss die aktuelle Stichprobengröße nur noch die Differenz zwischen der Sicherheit, die durch das Vorwissen bereits vorhanden ist, und der gewünschten Sicherheit abdecken. Dies führt zu einer deutlichen Verringerung der Zahl der Betriebe, die jährlich untersucht werden müssen.

Die Beispiele zeigen, dass es sich lohnt, die Überwachung von Zoonosen laufend zu überprüfen und zu optimieren. So können die begrenzten Mittel, die für diese Aufgabe zur Verfügung stehen, optimal zum Schutz der Gesundheit von Mensch und Tier genutzt werden.

Literatur

BLV (2014) Bericht zur Überwachung von Tierseuchen und Zoonosen. Daten 2013. Bundesamt für Lebensmittelsicherheit und Veterinärwesen 2014.

<http://www.blv.admin.ch/themen/02794/03039/index.html?lang=de>

EFSA und ECDC (2014) The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonoses, Zoonotic Agents and Food-borne Outbreaks in 2012. EFSA Journal 12 (2): 3547 [312 pp.]. doi:10.2903/j.efsa.2014.3547.

2.4 Erfahrungen bei der Umsetzung der risikoorientierten Fleischuntersuchung in der Praxis

Hans-Peter Pudollek
Landkreis Cloppenburg

Die risikoorientierte Fleischuntersuchung beim Schwein ist derzeit in aller Munde, vor allem unter dem Begriff der „visuellen Fleischuntersuchung“. Sie ist aber kein wirklich neues Verfahren, im Gegenteil. Die maßgeblichen gesetzlichen Grundlagen dazu wurden schon mit der Verabschiedung und dem Inkraftsetzen des Hygienepaketes bis 2006 etabliert.

Der Grundgedanke, bei der Durchführung der vorgeschriebenen Fleischuntersuchung epidemiologische Faktoren stärker zu berücksichtigen und dem Gedanken des Informationsaustausches entlang der Lebensmittelkette intensiver Rechnung zu tragen, wurde von der Fachwelt einhellig begrüßt.

Die bis dahin gelebte begründete schwerpunktmäßige Ausrichtung der Fleischuntersuchung auf den Nachweis von bestimmten Erkrankungen (z.B. Tuberkulose und Brucellose), die im Laufe der Zeit jedoch immer mehr an Bedeutung verloren haben, und das scheinbare Vernachlässigen relevanter lebensmittelassoziierter Erkrankungen bei der Durchführung der amtlichen Schlachtier- und Fleischuntersuchung wurden mehr und mehr als Nachteil empfunden.

Eine am Risiko für die Gesundheit von Mensch und Tier orientierte Durchführung und durch den Austausch von Informationen entlang der Lebensmittelkette unterstützte amtliche Fleischuntersuchung wurde in mehreren Mitgliedsstaaten der Europäischen Union flächendeckend eingeführt. In Deutschland ist dies nicht geschehen.

Mit der Veröffentlichung der Änderungsverordnungen zum Hygienepaket im März diesen Jahres und dem Inkrafttreten zum 01. Juni wurde der Untersuchungsgang bei Schlachtschweinen nunmehr per Verordnung neu geregelt. Bei der routinemäßig durchgeführten Fleischuntersuchung von Schweinen steht nunmehr der adspektorisch durchgeführte Untersuchungsgang der Schlachtkörper im Vordergrund. Damit wurde auch in Deutschland ein Prozess eingeleitet, in dem man sich vor allem auf amtlicher Seite darüber Gedanken machen musste, wie den Anforderungen Rechnung getragen werden kann.

Im Landkreis Cloppenburg werden derzeit ca. 8,5 Millionen Schweine pro Jahr geschlachtet. Dies erfolgt zum überwiegenden Teil in Großschlachtbetrieben mit über einer Million geschlachteten Tieren pro Jahr.

Die Umstellung des Untersuchungsgangs bei der Durchführung der amtlichen Fleischuntersuchung erforderte, in einem relativ kurzen Zeitraum wichtige Fragen zu klären. Dazu haben wir in verschiedenen Gremien z.B. auch auf Landesebene mitgewirkt, um für eine möglichst einheitliche Vorgehensweise aller Beteiligten zu werben.

Von Anfang an war klar, dass dem amtlichen Tierarzt am Schlachthof eine besondere Rolle bei der Umsetzung des Vorhabens zukommt. Er hat dem Verordnungstext entsprechend eine Risikobewertung vorzunehmen und darauf basierend, Entscheidungen für die Durchführung der Fleischuntersuchung zu treffen. Dazu sind ihm relevante Informationen zur Verfügung zu stellen; des Weiteren hat er aus den Erhebungen bei der Durchführung der Schlachtieruntersuchung Rückschlüsse auf die Durchführung der Fleischuntersuchung zu ziehen.

Dazu sind wir von Beginn an in einen intensiven Dialog mit allen Beteiligten eingetreten. Es ging dabei in erster Linie um die Bereitstellung aller relevanten Informationen, anhand derer

der amtliche Tierarzt vor Ort in die Lage versetzt werden sollte, eine Risikobewertung vorzunehmen.

Die Informationsblöcke, die dabei von Bedeutung waren, umfassen folgende Bereiche:

1. Erfassung und Bewertung von relevanten Informationen zum Tierschutz
2. Bereitstellung und Bewertung der Informationen zur Lebensmittelkette
3. Bereitstellung und Bewertung relevanter Informationen zu vorangegangenen Schlachtungen
4. Erhebung und Übermittlung der Informationen aus der Schlachttieruntersuchung der angelieferten Schlachttiere

Neben Fragen zur Bereitstellung der Informationen und deren Erhebung bzw. Auswertung wurde auch eine Phase intensiver Schulungen aller Beteiligten eingeleitet.

Die Erhebung und Bewertung von Befunden zum Tierschutz führte zu einer fruchtbaren Kooperation mit der Tierärztlichen Hochschule Hannover (Frau Prof. Meemken), die Etablierung EDV-technischer Lösungen erfolgte in Zusammenarbeit mit den Schlachtbetrieben, die Erhebung der relevanten Informationen führte zu einer Steigerung des Einsatzes amtlichen Untersuchungspersonals bei der Durchführung der Schlachttieruntersuchung vor Ort.

Die Umstellung der Fleischuntersuchung am Schlachtband hatte erhebliche Folgen für die Personalgestaltung durch die Unternehmen.

Auf diese Punkte, die insbesondere mit der praktischen Seite der Umsetzung der risikoorientierten Fleischuntersuchung im Zusammenhang stehen, konzentriert sich der Vortrag.

2.5 Stand der Salmonellenbekämpfung beim Geflügel

Annemarie Käsbohrer, Bernd-Alois Tenhagen, Bernd Appel
Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit

Einleitung

Bakterielle Zoonosen 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 soll am Beispiel der Salmonellose des Menschen untersucht werden, welche Erfolge die Bemühungen der Salmonellenbekämpfung beim Geflügel gebracht haben.

Rechtliche Regelungen in der EU

Auf Grundlage der Zoonosen-Bekämpfungsverordnung VO (EG) Nr. 2160/2003 wurden seit 2008 sukzessive stringente Bekämpfungsprogramme für Salmonellen in der Geflügelhaltung auf EU-Ebene durchgeführt. Das Prinzip der Verordnungen besteht darin, einerseits Ziele für die Bekämpfung und andererseits die Maßnahmen zur Überwachung der Verwirklichung der Ziele festzulegen. Die Bekämpfung ist vor allem gegen die beiden beim Menschen häufigsten Serovare *Salmonella enterica* subsp. *enterica* Enteritidis und Typhimurium (Top 2) gerichtet. Zu *Salmonella* Typhimurium werden hierbei mittlerweile 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.

Die Zielsetzung der Bekämpfung war in einem ersten Schritt die Verminderung der Prävalenz dieser relevanten *Salmonella*-Serovare in dem jeweiligen Produktionszweig unter einen festgelegten Schwellenwert. Der Zielwert sieht eine maximale Prävalenz der bekämpfungsrelevanten Serovare von 1 % der untersuchten Herden bei Zuchthühnern, Masthühnern, Zuchtputen und Mastputen vor. Bei den Legehennen wurde eine schrittweise Reduktion angestrebt, d.h., in Abhängigkeit von der Situation im Vorjahr sollte eine festgelegte Reduktionsrate erreicht werden. Anschließend beträgt der Zielwert 2 %.

Salmonella-Prävalenz bei Geflügelherden

Mit den EU-weiten Grundlagenstudien war die Ausgangssituation für die Bekämpfungsprogramme ermittelt worden. Hierbei belegte Deutschland im Hinblick auf die Prävalenz von Salmonellen in der Geflügelhaltung eine mittlere Position. Die Ergebnisse für die einzelnen Tierarten (Haushuhn, Pute) und Produktionsrichtungen (Legerichtung, Mastrichtung) unterschieden sich erheblich im Hinblick auf die *Salmonella*-Prävalenz sowie den Anteil der beiden besonders humanrelevanten Serovare S. Enteritidis und S. Typhimurium an der Gesamtsalmonellenprävalenz. Bei Legehennen dominierte S. Enteritidis. Bei Masthähnchen und Puten wurden vorwiegend andere Serovare als S. Enteritidis und S. Typhimurium nachgewiesen. Auch insgesamt war die Salmonellenprävalenz in Herden von Legehennen mit 29,8 % am höchsten, gefolgt von Masthähnchen und Mastputen mit 17,5 % und 10,3 %.

Seit der schrittweisen Einführung der Bekämpfungsprogramme 2008 konnten deutliche Unterschiede zu den Ergebnissen der Grundlagenstudien ermittelt werden. So wurde bei den **Zuchthühnern** zwar auch 2013 insgesamt eine leicht rückläufige *Salmonella*-Prävalenz be-

obachtet, bezogen auf die bekämpfungsrelevanten Serovare wurde aber erstmals der Gemeinschaftszielwert nicht erreicht. Dies lag in dem vermehrten Nachweis von *S. Infantis* begründet. Bereits 2012 war ein Anstieg der *Salmonella*-Nachweisrate berichtet worden, in 2013 betraf dies aber ein bekämpfungsrelevantes *Salmonella*-Serovare. Die Nachweisrate für die fünf bekämpfungsrelevanten Serovare (amtliche Untersuchungen) stieg auf 1,5 %, während im Vorjahr dieser Wert bei 0,3 % lag. Diese Entwicklung bedarf der besonderen Beobachtung.

Auch für **Legehennen** wurde 2013 ein Anstieg der Nachweisraten beobachtet, d.h., die rückläufige Tendenz der Nachweisraten des Vorjahres wurde nicht fortgesetzt. Allerdings konnte der Zielwert von 2 % eingehalten werden. Es dominierte weiterhin *S. Enteritidis*. Bei 1,2 % der Herden wurde *S. Enteritidis* oder *S. Typhimurium* in der Legephase nachgewiesen. Bei **Masthähnchen** wurde 2013 mit 1,5 % der Herden mit Nachweisen von *Salmonella* spp. und 0,03 % der Herden mit Nachweisen von *S. Enteritidis* oder *S. Typhimurium* ein fallender Trend beobachtet. Wie in den Vorjahren dominierten bei Masthähnchen die nicht bekämpfungsrelevanten Serovare.

Nachdem in der Grundlagenstudie keine Salmonellen bei Zuchtputen nachgewiesen worden waren und 2011 in einer Herde von **Zuchtputen** *Salmonella* spp. isoliert worden war, wurden 2013 erneut bei Herden von Zuchtputen Salmonellen nachgewiesen. Hierbei handelte es sich auch um das bekämpfungsrelevante Serovar *S. Typhimurium*. Bei den Mastputenbeständen fiel die Nachweisrate auf 0,5 % für *Salmonella* spp. und auf 0,1 % für das bekämpfungsrelevante Serovar *S. Typhimurium*. Allerdings wurde auch in einem Fall *S. Enteritidis* berichtet.

Der Erfolg der Maßnahmen lässt sich am besten daran ablesen, welche Wirkung sie im Hinblick auf die Erkrankungszahlen beim Menschen erzielen.

Häufigkeit der Salmonellose beim Menschen

Salmonellosen gehören noch immer zu den häufigsten lebensmittelbedingten Erkrankungen des Menschen, auch wenn die Anzahl der Erkrankungsfälle kontinuierlich rückläufig ist. Die Salmonellose ist derzeit nach der Campylobacteriose die zweithäufigste Lebensmittelinfektion in Deutschland. Die Meldezahlen für die Salmonellose des Menschen in Deutschland sind seit etwa zwei Jahrzehnten rückläufig. Während im Jahre 1992 etwa 195.000 Fälle gemeldet wurden, waren es im Jahr 2013 mit 18.986 Fällen weniger als ein Zehntel. Im Vergleich zum Vorjahr ist die Fallzahl um 9 % zurückgegangen. Während über einen sehr langen Zeitraum *S. Enteritidis* das dominierende Serovar war, wird seit 2012 *S. Typhimurium* am häufigsten berichtet. Dieses Serovar (einschließlich seiner monophasischen Variante) war 2013 mit 41 % bei menschlichen Erkrankungen die häufigste Ursache für Salmonellosen, gefolgt von *S. Enteritidis* mit 35 % der typisierten Salmonelleninfektionen. Es folgten *S. Infantis* (4,6 %), *S. Derby* (1,6 %) und *S. Muenchen* (1,5 %). Diese Änderungen in der Serovarverteilung reflektieren die erfolgreiche Senkung der Verbreitung von *S. Enteritidis*, verdeutlichen aber auch, dass andere Quellen zu einer Infektion des Menschen führen können. Bemerkenswert ist auch der Anstieg von *S. Infantis*-Erkrankungen beim Menschen.

Die überproportionale Reduktion des Abfalls der *S. Enteritidis*-Fälle und dessen 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 dem Zoonosen-Monitoring machen auch deutlich, dass die *Salmonella*-Belastung bei Geflügelfleisch gesenkt werden konnte.

Der Erfolg dieser Maßnahmen wird am BfR auch anhand eines mathematischen Modells untersucht. Im Rahmen des vom BMBF geförderten Forschungsverbundes RESET wurde der Anteil der humanen Salmonellosen, die vermutlich durch verschiedene Tierarten bzw. tierische Lebensmittel verursacht wurden, abgeschätzt. In diesem Modellierungsansatz werden die *Salmonella*-Subtypen aus den verschiedenen vermuteten Quellen (z.B. Tierarten, Lebensmittel) mit der Verteilung der Subtypen beim Menschen verglichen. Die Anzahl der sporadischen humanen Infektionen, ausgelöst durch verschiedene Salmonellentypen, wird als Funktion dieser Typen in tierischen Quellen errechnet und mit der Prävalenz des Erregers und der Verzehrsmenge des jeweiligen Lebensmittels gewichtet. Das Modell schätzt so den Beitrag der einzelnen Quellen an der Gesamtzahl der Salmonellosefälle des Menschen. Die Ergebnisse dieser Modelle können dazu beitragen, zielgerichtet Interventionsstrategien gegen Salmonellen bei den einzelnen Quellen zu entwickeln und bereits vorhandene Maßnahmen auf ihre Effektivität hin zu prüfen.

Die Ergebnisse zeigen, dass der Anteil der Erkrankungsfälle, die Legehennen bzw. Konsumiern zugeordnet werden, kontinuierlich abfällt. Somit unterstützt diese Methode die Hypothese, dass die Bekämpfungsmaßnahmen eine positive Wirkung für den gesundheitlichen Verbraucherschutz zeigen.

Fazit

Die Bekämpfungsprogramme beim Wirtschaftsgeflügel führen von der Tendenz her zu einem deutlichem Rückgang der *Salmonella*-Prävalenz bei allen betrachteten Gruppen von Wirtschaftsgeflügel. Die Ergebnisse für 2013 machen aber auch deutlich, dass die Situation kontinuierlich überwacht und ggf. die Maßnahmen überprüft werden müssen. Zudem sollten verstärkt andere Infektionsquellen des Menschen, insbesondere das Schwein, in den Bekämpfungsbemühungen einbezogen werden.

2.6 Salmonellenbekämpfung beim Schwein in Deutschland

Uwe Rösler

Institut für Tier- und Umwelthygiene, Freie Universität Berlin, Berlin

Die Salmonelleninfektion des Schweins stellt ein seit Langem bekanntes Problem für den gesundheitlichen Verbraucherschutz dar. Bei insgesamt vor allem aufgrund der Erfolge der Salmonellenbekämpfung beim Geflügel stark rückläufigen Fallzahlen humaner Salmonellen-Infektionen ist wahrscheinlich ein steigender Teil dieser Fälle auf den Verzehr von mit Salmonellen infizierten oder kontaminierten Schweinefleisches zurückzuführen.

Um die Gefährdung des Verbrauchers durch Salmonellen-kontaminiertes oder -infiziertes Schweinefleisch einzuschränken, wurden inzwischen sowohl auf europäischer Ebene mit der Zoonose-Überwachungs-VO sowie auf nationaler Ebene mit der Schweine-Salmonellen-VO die gesetzlichen Grundlagen für eine Salmonellenbekämpfung in der Schweineproduktion geschaffen.

Hierbei werden Schlachttiere mittels zugelassener ELISA-Testsysteme auf *Salmonella*-spezifische Antikörper untersucht und die einzelnen Betriebe entsprechend der Höhe des Anteils positiver Tiere drei Belastungskategorien zugeordnet.

Als Konsequenz einer serologischen Kategorisierung als stark Salmonellen-belasteter Betrieb (Kategorie 3) sind Eintragswege für Salmonellen in den Bestand zu identifizieren und wirksame Maßnahmen der Salmonellenkontrolle und -bekämpfung durchzuführen und nachzuweisen. Diese Maßnahmen beinhalten ein verbessertes Hygienemanagement, im Speziellen aber auch Vakzinierungen.

Zur Reduktion des Transfers von Salmonellen zum Verbraucher können Schlachttiere aus belasteten Betrieben gesondert dem Schlachtprozess zugeführt werden, um Kreuzkontaminationen zu reduzieren, und Schlachttiere aus belasteten Betrieben können zu vorzugsweise durcherhitzten Produkten verarbeitet werden.

Die Verbesserung des Salmonellenstatus eines Bestandes durch Optimierung der hygienischen Verhältnisse stellt in jedem Fall die erste zu ergreifende Maßnahme dar und sie ist zugleich Grundlage für erfolgversprechende Vakzinationsversuche. Hauptziele hierbei sind einerseits die Unterbindung des Salmonellen-Eintrags (z.B. über kontaminiertes Futter) und andererseits die Reduktion der Übertragung durch belebte und unbelebte Vektoren oder zwischen den Tieren selbst. Wirkungsvolle Maßnahmen zur Reduktion des Salmonellen-Eintrages sind die Umsetzung eines rigorosen Schwarz-weiß-Prinzips, eine konsequente Schädner- und Fliegenbekämpfung sowie der Einsatz von Futter, welches Maßnahmen zur Salmonellen-Reduktion unterzogen wurde (z.B. Schutz vor Kontamination mit Vogelkot, evtl. Hitzebehandlung). Die Übertragung von Salmonellen innerhalb des Bestandes lässt sich neben einer Impfung vor allem durch Desinfektions- und Management-Maßnahmen unterbinden. Desinfektionsmaßnahmen sollten mit hochwirksamen Mitteln (z.B. Aldehyd- oder Peressigsäure-haltigen Präparaten) erfolgen. Hier muss dem Fäkalbereich besonderes Augenmerk gelten. In Sauenbetrieben kann auch eine Körperwaschung der Tiere (insbesondere von Sauen vor dem Umstellen in die Abferkelabteile) mit dafür zugelassenen wirksamen Mitteln in Betracht gezogen werden.

Als einzige Salmonellen-spezifische Maßnahme stehen zur Reduktion der Salmonellenbelastung in Schweinebeständen zugelassene attenuierte Lebendvakzinen zur Verfügung. Vorteile gegenüber inaktivierten Impfstoffen bestehen insbesondere in der Stimulation der zellulären Immunabwehr, welche bei intrazellulären Erregern wie Salmonellen als Hauptkomponente für eine belastbare Immunität anzusehen ist. Darüber hinaus vermitteln diese Impfstoffe im Allgemeinen bereits nach einmaliger Applikation einen effektiven Schutz, während bei inakti-

vierten Impfstoffen stets Wiederholungs-Immunsierungen notwendig sind. Der Einsatz dieser Lebendvakzinen kann den Anwender jedoch auch vor Probleme stellen. Lebendimpfstoffe können über längere Zeiträume im Bestand persistieren und sogar auf die nächste Produktionsstufe übertreten oder ausnahmsweise auch auf dem Schlachthof von geimpften Tieren isoliert werden. Insbesondere aber kommt es durch Impfungen auch zur Induktion von Salmonellen-Antikörpern, die mit den bisherigen ELISA-Testsystemen nicht von Wildtypinfektionen zu unterscheiden sind und ggfs. zu einer Kategorisierung als Salmonellen-belasteter Betrieb (Kategorie 2 oder 3) führen können. Darüber hinaus handelt es sich bei diesen Impfstoffen zumeist um Mutanten der Serovarietät *S. Typhimurium*, während in Schweinebeständen aber oft auch andere Serovare, zum Teil auch mehrere gleichzeitig, nachgewiesen werden können. In diesem Fall können inaktivierte, stallspezifische Vakzine einen alternativen Lösungsansatz bei der Bekämpfung des Salmonellenproblems (insbesondere in Schweinezucht- und Vermehrungsbeständen) darstellen. In jedem Fall sollte eine Kombination aus einer Sauenimpfung (Mutterschutzimpfung) und einer Impfung der Ferkel um den Absetzzeitpunkt herum erfolgen. Geimpfte Sauen geben in hohem Maße kolostrale Antikörper an ihre Ferkel weiter, womit eine Infektion der Ferkel bis zum Absetzen signifikant reduziert werden kann. Die aktive Immunisierung der Absetzferkel reduziert bei diesen dann später ebenfalls signifikant das Risiko einer Salmonelleninfektion.

2.7 Control of *Salmonella* in Belgian Swine Herds

Yves Van der Stede¹, E. Méroc¹, H. Imberechts²

¹ Co-ordination Veterinary Diagnose-Epidemiology and Risk Analysis (CVD-ERA, CODA-CERVA), Brussels, Belgium

² Bacterial Diseases (CODA-CERVA), Brussels, Belgium

Food borne Salmonellosis constitutes a major health burden and represents a massive cost in many countries. Increasing pressure by consumers, regulators and food processors has made prevention of *Salmonella* a high priority. Pork and pork products are one of the major sources of human salmonellosis in Europe (Griffith et al., 2006). Infection in pigs is mainly sub-clinical and is therefore difficult for farmers to detect and monitor. In January 2005, The Belgian Federal Agency for the Safety of the Food Chain (FASFC) implemented a national *Salmonella* sero-surveillance and control program in fattening pigs (SAP). Its purpose was to identify the ten percent of farms with the highest levels of *Salmonella*-specific antibodies (high risk farms). Since July 2007, these high risk farms are required to take part in a *Salmonella* specific action plan (SSAP) which consists of a checklist and control measures designated to reduce the risk of *Salmonella* infection and indirectly the level of antibodies of the farm (Royal decree of 27 April 2007).

Major problems for implementing a *Salmonella* surveillance programme using serology as a tool to identify risk herds are (i) the correlation between serology and bacteriology and (ii) the selection of an optimal cut off level to assign *Salmonella* risk herds. A lack of correlation between serology and bacteriology at the animal level is already extensively studied and documented (Korsak et al., 2006; Nollet et al., 2005). However, it is well agreed that serological testing is a good method for screening at herd level with an acceptable correlation with bacteriological isolation. The selection of the cut off level is mainly dependent on the (true) prevalence itself but very often, at the start of a programme, this cut off level is chosen in a pragmatic way in order to keep monitoring and implementing the control measures on the assigned herds manageable and affordable.

Since exposure of a pig to *Salmonella* will determine its risk of infection, levels of the pathogen in the farm environment should be kept to a minimum by maintaining appropriate hygiene and biosecurity practices. The identification of potential risk factors is the key element in preventing diseases. Several risk factors are generally known to have an effect on the probability of contamination of the farm environment, for example the incoming stock status, stress, pests, visitors, feed, water, poor hygiene, etc (Funk and Gebreyes, 2004). Information on possible farm-level interventions should be available to enable farmers to reduce the level of infection of their animals and, consequently, avoid unnecessary financial losses and enhance public health. The checklist foreseen in the Belgian SSAP was a great opportunity to perform a case-control study on a considerable number of explanatory variables and identify critical on farm risk factors for being a *Salmonella* high risk farm in Belgium. The effectiveness of the SSAP in fattening pigs in Belgium was evaluated by studying the time a farm stays assigned to the high risk category and which risk factors were related to this (Meroc et al., 2012). Results showed that 29 % of the farms were withdrawn from the program possibly only because of sampling error. The program should thus be adapted to accommodate for this. A statistically significant association was identified between the type of farm and the time to withdrawal from the high risk status. At any point in time after the onset of the SSAP, withdrawals from the high risk status occurred at a 39 % and 28 % higher rate in mixed and fattening farms respectively compared to closed farms. The risk attributed to closed pig farms is related to the presence of sows. Indeed, a Belgian pilot study in rearing/breeding pigs in 2013 holdings showed that around 75 % of the pig farms (including rearing) in Belgium are infected by *Salmonella* spp and that *Salmonella* Typhimurium is the second most frequent serotype in breeding pig farms after *Salmonella* Derby.

Controlling *Salmonella* infections in pig herds is difficult. Hygiene and biosecurity on-farm are of paramount importance in decreasing *Salmonella* seroprevalence in slaughterhouses (Hotes et al., 2011), *Salmonella*-free housing cannot be obtained simply by cleaning and disinfection regimens at farm level. Hence, such regimens should be combined with other measures as part of an overall strategy to control *Salmonella* on-farm. These other measures may consist of on-farm treatment of feed or water with acids. Another possible method of on-farm control of *Salmonella* infections in pigs is vaccination. Currently available serological tests do not differentiate between commercial-vaccine-induced and infection-induced antibodies, so vaccine use may be compromised in countries where serology is used for *Salmonella* surveillance. Different intervention strategies such as feed with coated calcium-butyrate, vaccination, and acidified drinking water with their effect on the transmission in and between pigs of *Salmonella* enterica subspecies enterica serovar Typhimurium – the most prevalent *Salmonella* serotype in pigs in Belgium - will be presented (De Ridder et al., 2013a,b). In addition, the outcome of a scenario analysis performed with a farm-to-fork QMRA model for *Salmonella* in pigs (METZOON) will be discussed (Bollaerts et al., 2009, 2010)

References

- Bollaerts K, Messens W, Aerts M, Dewulf J, Maes D, Grijspeerdt K, Van Der Stede Y. (2010) Evaluation of scenarios for reducing human Salmonellosis through household consumption of fresh minced pork meat. *Risk Analysis* 30 (5): 853–865.
- Bollaerts K, Messens W, Aerts M, Dewulf J, Maes D, Grijspeerdt K, Van Der Stede Y. (2010) Evaluation of scenarios for reducing human salmonellosis through household consumption of fresh minced pork meat. *Risk Analysis* 30 (5): 853–865.
- De Ridder L, Maes D, Dewulf J, Pasmans F, Boyen F, Haesebrouck F, Méroc E, Roels S, Leyman B, Butaye P, Van der Stede Y. (2013) Effect of a DIVA vaccine with and without in-feed use of coated calcium-butyrate on transmission of *Salmonella* Typhimurium in pigs. *BMC Veterinary Research* 9: art. no. 243.
- De Ridder L, Maes D, Dewulf J, Pasmans F, Boyen F, Haesebrouck F, Méroc E, Butaye P, Van der Stede Y. (2013) Evaluation of three intervention strategies to reduce the transmission of *Salmonella* Typhimurium in pigs. *Veterinary Journal* 197 (3): 613–618.
- Funk J, Gebreyes WA. (2004) Literature Review: Risk factors associated with *Salmonella* prevalence on swine farms. *J Swine Health Prod* 12 (5): 246–251.
- Griffith RW, Schwartz K, Meyerholz D. (2006) *Salmonella*. In: Straw B, Zimmermann J, D’Allaire S, Taylor DJ (eds). *Diseases of swine*. Blackwell Publishing Ltd, Oxford, pp. 739–754.
- Hotes S, Traulsen I, Krieter J. (2011) *Salmonella* control measures with special focus on vaccination and logistic slaughter procedures. *Transboundary and Emerging Diseases* 58 (5): 434–444.
- Korsak N, Degeye J-N, Etienne G, Beduin J-M, China B, Ghafir Y, Daube G. (2006) Use of a serological approach for prediction of *Salmonella* status in an integrated pig production system. *International Journal of Food Microbiology* 108 (2): 246–254.
- Méroc E, Strubbe M, Vangroenweghe F, Czaplicki G, Vermeersch K, Hooyberghs J, Van der Stede Y. (2012) Evaluation of the *Salmonella* surveillance program in Belgian pig farms. *Preventive Veterinary Medicine* 105 (4): 309–314.
- Nollet N, Maes D, De Zutter L. (2004) Risk factors for the herd level bacteriologic prevalence of *Salmonella* in Belgian slaughter pigs. *Prev Vet Med* 65: 63–75.

2.8 Tuberkulose beim Rind – Neues von einer alten Krankheit

Norbert Rehm

Bayerisches Staatsministerium für Umwelt und Verbraucherschutz, München

Ausgangslage

Mit Entscheidung 97/76/EWG der Europäischen Kommission wurde Deutschland 1996 als tuberkulosefrei anerkannt. Damit einher ging die Einstellung der jährlich durchgeführten bundesweiten Tuberkulinisierung ab 1997. An ihre Stelle trat die Überwachung der Tuberkulose-Freiheit im Rahmen der amtlichen Fleischuntersuchung an den Schlachtstätten. Diese Überwachung und in der Folge die Bekämpfung der Rindertuberkulose ist in Deutschland durch die Verordnung zum Schutz gegen die Tuberkulose des Rindes (Tuberkulose-Verordnung) in der Bekanntmachung der Neufassung vom 12. Juli 2013 geregelt. Für erhebliche Unruhe sorgte der Umstand, dass im Landkreis Oberallgäu, einem Zentrum der bayerischen Milchproduktion, 2012 vermehrt Fälle von Rindertuberkulose im Rahmen der Schlachtier- und Fleischuntersuchung festgestellt wurden.

Eingeleitete Maßnahmen und Ergebnisse

Aufgrund dieser Befundlage führte das Landratsamt Oberallgäu ab Ende 2012 Reihenuntersuchungen in allen rund 2.000 Rinderbeständen (Zielgruppe alle weiblichen Tiere ab zwölf Monate) des Landkreises durch. Diese sind zwischenzeitlich nahezu vollständig abgeschlossen; lediglich sechs Betriebe verweigern derzeit noch diese amtlich angeordneten Untersuchungen und sind mit Zwangsmaßnahmen belegt. Ca. 73 000 Tiere wurden untersucht und Ausbrüche der Rindertuberkulose in 22 Betrieben amtlich festgestellt, wobei mehr als 900 Tiere getötet werden mussten. In allen Fällen konnten die Infektionen auf den Erreger *M. caprae* zurückgeführt werden, der regional ebenfalls beim Rotwild aufgetreten ist. So wurden im Rahmen eines flankierenden Monitoring-Programmes in der Jagdsaison 2013/2014, das im bayerischen Alpenraum 1661 erlegte Tiere umfasste, und in der laufenden Jagdsaison 2014/2015, das den westlichen Alpenraum mit 882 Tieren umfasst, von insgesamt 29 Tieren allein im Landkreis Oberallgäu 21 Tiere positiv getestet. Als möglicher Erregereintrag für das Rind wird deshalb ein Austausch durch Rotwildkontakt (mittelbar/unmittelbar) beim Weidengang auf Almen oder Alpen diskutiert.

In der Folge der ersten positiven Befunde im Landkreis Oberallgäu und um ein möglicherweise bisher unentdeckt gebliebenes Geschehen im bayerischen Alpen- und Voralpenraum zu detektieren, wurde durch das Bayerische Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit (LGL) mit Start im April 2013 ein mehrschichtiges Untersuchungsprogramm für Bayern entwickelt und in Zusammenarbeit mit den Kreisverwaltungsbehörden und den betroffenen Verbänden durchgeführt.

Um rasch einen ersten Überblick („screen shot“) über die Verbreitung der Rindertuberkulose in den Landkreisen entlang der Alpennordseite zu bekommen, wurde eine Stichprobe von über 1700 Tieren aus 46 Betrieben der Landkreise Berchtesgadener Land, Traunstein, Rosenheim, Miesbach, Bad Tölz-Wolfratshausen, Garmisch-Partenkirchen, Weilheim-Schongau, Ostallgäu, Unterallgäu, Lindau sowie der kreisfreien Städte Kaufbeuren, Kempten, Rosenheim und Memmingen („Landkreise entlang der Alpenkette“) untersucht. Die Auswahl der Tiere erfolgte risikoorientiert bevorzugt aus Betrieben, deren Milch als Rohmilch oder Rohmilcherzeugnisse daraus an Verbraucher abgegeben wurden und bei denen Rotwildkontakte durch regelmäßige Beschickung von Almen nicht ausgeschlossen werden konnte. Im Ergebnis dieser Untersuchungen wurde in keinem Fall eine Infektion mit Tuberkuloseerregern festgestellt.

Zur Befundabsicherung wurde eine Kontrollgruppe von ca. 800 Rindern aus Betrieben der nordbayerischen Landkreise untersucht, bei denen ein Rotwildkontakt sowie Handelskontakte zu den von Rindertuberkulose betroffenen Landkreisen der Alpenkette ausgeschlossen werden konnten. Auch in dieser Gruppe ergaben sich keine Hinweise auf eine Infektion mit Rindertuberkulose.

Ergänzend erfolgten Untersuchungen von aus dem Alpenvorland (alle oben genannten Landkreise) in den letzten fünf Jahren in andere Bundesländer verbrachten Rindern (ca. 9000 Tiere). Diese haben gezeigt, dass es, entgegen der ursprünglichen Befürchtung, nicht zu einer Verschleppung der Tuberkulose in andere Bundesländer gekommen ist (ausgenommen sieben kontaktbedingte Ausbrüche im benachbarten Baden-Württemberg).

Der Hauptteil des Untersuchungsprogramms „Landkreise entlang der Alpenkette“ bestand aus der Untersuchung aller weiblichen Rinder im Alter von über zwölf Monaten. Auch dieses Programm konnte mit Beginn der Sömmerungsperiode 2014 zwischenzeitlich abgeschlossen werden. Insgesamt wurden (exkl. Landkreis Oberallgäu) über 9200 Betriebe mit annähernd 350.000 Tieren untersucht. Die Ergebnisse zeigen, dass auch außerhalb des Landkreises Oberallgäu Fälle von Rindertuberkulose auftreten. So wurde in neun Betrieben im benachbarten Landkreis Ostallgäu und in zwei Betrieben im benachbarten Landkreis Unterallgäu sowie im Landkreis Bad Tölz-Wolfratshausen der Ausbruch der Rindertuberkulose amtlich festgestellt. Aus den übrigen am Programm beteiligten Landkreisen liegen keine Hinweise auf das Vorkommen der Rindertuberkulose vor.

Eine einmalig auf der Grundlage der Tuberkuloseverordnung bundesweit bis zum 30.04.2014 in allen Bundesländern durchzuführende Untersuchung einer repräsentativen Stichprobe von ca. 15.000 Tieren führte zu keiner positiven Befundlage.

Schlussfolgerungen und weiteres Vorgehen

Die Gesamtschau aller durchgeführten Untersuchungen lässt die Interpretation zu, dass eine flächenhafte Verbreitung der Rindertuberkulose weder im Bundesgebiet noch in Bayern zu befürchten ist. Dieses Ergebnis, das mit beträchtlichem finanziellem Aufwand, enormem Arbeitseinsatz der Tierärzte im Feld, im Labor und in der Verwaltung und unter großer psychischer Belastung der betroffenen Landwirte durchgeführt wurde, ist insoweit der erfolgreiche Nachweis der Tuberkulosefreiheit in Deutschland. Allerdings sind die Ergebnisse der regionalen Häufung im südwestbayerischen Raum (Region Allgäu) besorgniserregend und bedürfen weiterhin einer besonderen Aufmerksamkeit. Ausgehend von den Erfahrungen eines fast zweijährigen Überwachungsprogramms, sind für die folgenden Jahre dabei folgende Eckpunkte zu berücksichtigen: Die risikobasierte Konzeption und Steuerung der Überwachung hat durch das zuständige Landratsamt zu erfolgen (dezentraler Ansatz). Damit werden die regionalen und lokalen Besonderheiten berücksichtigt und die Akzeptanz bei den Betroffenen erhöht. Das LGL unterstützt dabei mit fachlicher Expertise, auch unter den Aspekten der Nachhaltigkeit, der Methodik, der Diagnostik und nicht zuletzt der Finanzierbarkeit. Mögliche Optionen sind dabei der tierbezogene Ansatz (Untersuchung aller „Sömmerungstiere“), der regionale Ansatzes (Auftriebsuntersuchung für definierte „Sommerweiden“) oder die Reihenuntersuchung aller Tiere in einem Drei-Jahres-Turnus (bundesweite Methode bis 1996). Neben der Entscheidung für eine dieser Optionen wird es auch darauf ankommen, TBC-verdächtige und TBC-Ausbruchsbetriebe diagnostisch über mehrere Jahre zu begleiten, um die dauerhafte Eliminierung nachweisen zu können.

2.9 Q-Fieber: Eine anhaltende Herausforderung für Wissenschaft und öffentliches Veterinärwesen

Heinrich Neubauer¹, Lisa D. Sprague¹, Klaus Henning¹, Udo Moog², Michael Elschner³

¹ Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Jena

² Tierseuchenkasse Thüringen, Tiergesundheitsdienst, Jena

³ Thüringer Ministerium für Soziales, Familie und Gesundheit, Referat 51, Erfurt

Q-Fieber, verursacht durch das gramnegative Bakterium *Coxiella (C.) burnetii*, ist eine der wenigen hochansteckenden und gemeingefährlichen Zoonosen, die in deutschen Nutztierbeständen noch weit verbreitet ist. Für die Ansteckung soll bereits die inhalative Aufnahme eines oder einiger weniger Erreger ausreichend sein. Wirte können Säugetiere und Arthropoden sein, wobei das Hauptreservoir in Deutschland (subklinisch) infizierte Schafe, Ziegen und Rinder sind. Zecken können den Erreger zumindest vorübergehend, z.B. nach einer Blutmahlzeit an einem septikämischen Tier, beherbergen. *C. burnetii* zeichnet sich durch einen erhöhten Tropismus für die Reproduktionsorgane aus, wobei jedoch lokale Infektionen der Milchdrüse beim Rind zu erheblichen wirtschaftlichen Einbußen führen können. Die Ausscheidung des Erregers kann prinzipiell mit allen Körperflüssigkeiten erfolgen, wobei allerdings bei der Geburt mit Plazenta und den Lochien erhebliche Mengen des Erregers freigesetzt werden. Eine Alters- oder Geschlechtsspezifität ist nicht beweisbar. *C. burnetii* kann in Staub, in Wolle oder Heu über Monate wenn nicht gar Jahre überleben, da es gegen physikalische und chemische Noxen sehr resistent ist. Die Übertragung des Bakteriums erfolgt in der Regel aerogen, wobei eine Ansteckung durch die Aufnahme kontaminierter Milch durchaus wahrscheinlich ist. Die Vertragung des Erregers bei geeigneter Wetterlage (Trockenheit und Wind) bis zu 2 km durch die Luft konnte bei der Ursachenermittlung von Kleinraumepidemien nachgewiesen werden, wobei immer auch der Zusammenhang zu infizierten Tierherden hergestellt werden konnte.

Q-Fieber verläuft beim infizierten Tier meist klinisch inapparent. Bei schwerem Verlauf können Pneumonien, Aborte oder Frühgeburten durch Plazentitis auftreten. In Westdeutschland verbreitete sich das Q-Fieber nach dem 2. Weltkrieg von Süden nach Norden und nach der Wiedervereinigung in Ostdeutschland innerhalb eines Jahrzehnts, sodass Deutschland als endemisch betrachtet werden muss. In Zukunft gilt es, bei eventuellen Bekämpfungsmaßnahmen verstärkt den Wandel in der Landwirtschaft (Tierhaltungsformen und Flächennutzung), den demografischen Wandel der Gesellschaft und die ständige Klimaerwärmung, bezogen auf lokale Endemiegebiete, zu berücksichtigen. Ein erster Schritt hierzu ist das vom BMBF geförderte Verbundprojekt „Q-Fieber in Deutschland“, das von 2006 bis 2015 aktiv war und ist. In der Tat gelang es diesem Zusammenschluss von Forschern unterschiedlichster Disziplinen, einige wichtige Voraussetzungen für zukünftige Forschungsprogramme zu schaffen und offene Fragen zur Epidemiologie des Q-Fiebers in Deutschland bereits zu klären. Am FLI konnte eine deutschlandweite Sammlung von aktuellen *C. burnetii*-Isolaten von Tieren, Menschen und aus der Umwelt angelegt und an diesen Genotypisierungsuntersuchungen durchgeführt werden. So konnte gezeigt werden, dass in Mitteldeutschland nur ein einziger, genetisch sehr stabiler *C. burnetii*-Typ bei Tier und Mensch isoliert werden kann, der z.B. für Ausbrüche beim Menschen in Soest, NRW, oder Jena, Thüringen, mit Hunderten von Patienten verantwortlich war. Seroprävalenzuntersuchungen in einzelnen Bundesländern zeigen, dass Hauswiederkäuer (Schafe, Ziegen, Rinder) infiziert sind, aber durchaus auch Wildschweine Quelle humaner Infektionen sein können. Epidemiologisch höchst interessant ist sicherlich die weltweit erste, auf statistischen Kriterien beruhende Prävalenzstudie an Schafherden in Thüringen, die repräsentativ das ganze Bundesland einschloss. Anhand dieser konnte eindeutig gezeigt werden, dass *C. burnetii* auch in klinisch unauffälligen Herden weit verbreitet ist. Flächendeckende Erfassung der Verbreitung von Q-Fieber ist deshalb Voraussetzung für risikobasierte Bekämpfungsmaßnahmen, die dann idealerweise eine genau definierte räumliche Ausdehnung haben müssen. Es hat sich in unseren Untersuchungen gezeigt, dass vor allem die PCR-Technik in Kombination mit vaginalen Tupferproben zur

Identifizierung chronisch infizierter Ausscheider unerlässlich ist. Der Zusammenhang zwischen kleinklimatologischer Situation in einer Region, humaner Infektion und Entfernung zu infizierten Tierherden konnte nochmals bestätigt werden.

Ziel des Verbundes war es auch, Strategien für die Bekämpfung von Q-Fieber beim Tier zu entwickeln. Dazu wurden in Thüringen exemplarisch eine Schaf-, eine Ziegen- und eine gemischte Herde ausgewählt und ein Impf- und Monitoringprogramm etabliert. Wie erwartet und auch vom Impfstoffhersteller angegeben, scheint die Impfung die Anzahl ausscheidender Tiere über die Jahre hinweg deutlich reduzieren zu können. Es konnte jedoch auch festgestellt werden, dass unabhängig von der Tierart immer ein sehr geringer Prozentsatz von Vaginaltupfer-positiven Ausscheidern übrig bleibt. Diese können jederzeit naive Zutreter infizieren und somit zum Wiederaufflammen der Infektion führen. Die dabei ausgeschiedene Menge Erreger reicht aus, um erneut humane Infektionen zu verursachen. Es muss nun geprüft werden, ob mithilfe der RT-PCR oder eines sensitiven Penside-Tests die chronischen Ausscheider zurzeit der Geburt sicher identifiziert werden können. Diese Tiere wären konsequenterweise einer sofortigen Metzgerung zuzuführen. Das gilt auch für positiv getestete männliche Tiere, wobei bei diesen die optimale Probenmatrix noch zu bestimmen ist. Das optimale Impfrezime ist ebenfalls zu validieren. So ist zum Beispiel eine Reduktion der Kosten durch das Beschränken der Impfung auf Subpopulationen des Bestands mit erhöhtem Risiko denkbar. Analogien zum Vorgehen der Bekämpfung der Brucellose in endemischen Ländern sind offensichtlich. Sollte durch ein konsequentes Impfen-Testen-Keulen-Regime wirklich die Eradikation von Q-Fieber aus einer Herde möglich sein, muss anschließend sichergestellt werden, dass eine Neueinschleppung des Erregers unterbunden wird. Neben der Etablierung eines strikten Hygiene- und Managementsystems muss die Möglichkeit ausgeschlossen werden, dass sich die Tiere an einem natürlichen Reservoir anstecken können. Eine mögliche Freilandhaltung (Wanderschäfferei, Vertragsnaturschutzbeweidung) stellt dabei eine besondere Herausforderung dar. In eigenen Untersuchungen konnten in Zecken, die von Trockenrasenweiden stammten, bisher keine *C. burnetii*-DNA nachgewiesen werden. Sie können daher als Reservoir in diesem speziellen Fall (Vertragsnaturschutzschafbeweidung) als Ansteckungsquelle ausgeschlossen werden. Aber gerade in Bezug auf natürliche Reservoirs fehlen verlässliche Daten.

Zusammenfassend lässt sich somit sagen, dass in den letzten zehn Jahren durch verstärkte Forschungstätigkeit, die durch große Humanepidemien initiiert wurde, gute Voraussetzungen zur Lösung der Frage, ob Q-Fieber in Tierbeständen bekämpft werden kann, geschaffen wurden.

Die Autoren danken dem BMBF für die Förderung des Q-Fieber-Netzwerkes in Deutschland (Förderkennziffer 01 KI 0730/01 KI 1001A).

2.10 Viszeraler Botulismus – Ergebnisse eines Forschungsprojektes

M. Hoedemaker¹, T. Scheu¹, A. Abdulmawjood², S. Fohler², K.C. Jensen³, A. Campe³, S. Discher⁴, E. Jordan⁴, C. Seyboldt⁴

¹Klinik für Rinder, ²Institut für Lebensmittelqualität und –sicherheit und ³Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung der Tierärztlichen Hochschule Hannover, ⁴Friedrich-Loeffler-Institut, Jena

Einleitung

Seit einigen Jahren wird von dem vermehrten Auftreten eines chronischen Krankheitsgeschehens in Milchviehbetrieben berichtet, welches mit vielfältigen, z.T. unspezifischen klinischen Symptomen insbesondere bei hochleistenden Milchkühen in der Früh-laktation einhergeht. Letztendlich führt es zu chronischem Siechtum oder Tod der erkrankten Tiere und verursacht erhebliche wirtschaftliche Verluste in den betroffenen Betrieben. Da mit gängigen Untersuchungsprotokollen keine Klärung der Ursachen dieses chronischen Krankheitsbildes erzielt wurde, aber bei mikrobiologischen Untersuchungen Botulinumneurotoxin (BoNT) im Gastrointestinaltrakt und in den Organen erkrankter oder gestorbener Tiere gefunden wurde, wurde eine Toxikoinfektion mit *Clostridium (C.) botulinum* postuliert und die Krankheits-symptomatik mit der Toxinwirkung in Zusammenhang gebracht. Das Krankheitsbild wurde als „chronischer“ oder „viszeraler“ Botulismus bezeichnet und vom klassischen Botulismus abgegrenzt (Böhnel et al., 2001).

Bei dem Krankheitsbild wird eine Toxikoinfektion mit *C. botulinum* analog dem Säuglingsbotulismus oder dem intestinalen Botulismus beim Menschen postuliert (EVSA, 2005). Die Tiere sollen hierbei Clostridien-sporen aufnehmen, die unter bestimmten Bedingungen in der Lage sind, den Pansen und den Dünndarm zu passieren und in den Dickdarm zu gelangen. Nach Auskeimung werden dort kontinuierlich kleinste Toxinmengen freigesetzt, die dann nach Resorption für die verschiedensten Krankheitssymptome verantwortlich sind und letztendlich eine chronische Krankheits-symptomatik hervorrufen (Böhnel et al., 2001). Bisher ist noch nicht bekannt, welche Faktoren das Auskeimen und die Toxinbildung begünstigen. Die vorgestellten kausalen Zusammenhänge zwischen *C. botulinum* und dem chronischen Krankheitsgeschehen in Milchviehherden haben hypothetischen Charakter, da nachhaltige und belastbare wissenschaftlichen Studien, die diese untermauern, nicht vorgelegt wurden. Dies hat letztendlich dazu geführt, dass der sog. viszerale Botulismus bisher nicht als eigenständige Krankheit offiziell anerkannt wurde. Die wichtigsten Gründe hierfür sind:

1. Es fehlt eine klare Falldefinition aufgrund der vielen unspezifischen klinischen Symptome auf Tier- und Herdenebene. Daten über eine systematische Erhebung der Betriebsgegebenheiten in Verbindung mit einer gründlichen Einzeltierdiagnostik in einer statistisch auswertbaren Größenordnung wurden bisher nicht publiziert.
2. Die Tatsache, dass *C. botulinum* sowohl im Darmtrakt von gesunden als auch von kranken Tieren gefunden wird (Dahlenborg et al. 2003), führt zu Unsicherheiten in der Bewertung von positiven mikrobiologischen Befunden. Bisher wurde überwiegend nur in Problembetrieben auf *C. botulinum* untersucht, es fehlen epidemiologische Daten aus unverdächtigen Betrieben und von klinisch gesunden Tieren.
3. Für ein chronisches Krankheitsgeschehen in Milchviehbetrieben gibt es mehr als 20 Differentialdiagnosen, die berücksichtigt werden müssen.

Um die Zusammenhänge zwischen dem chronischen Krankheitsgeschehen in Milchviehbetrieben und *C. botulinum* oder seinen BoNT zu klären, wurde vom Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft unter der Trägerschaft der Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung ein Forschungsprojekt gefördert (Förderkennzeichen 2810HS005). Hierbei handelte es sich um eine epidemiologische Studie, die in Form einer Fall-Kontroll-Studie

durchgeführt wurde. Als Expositionsfaktor galt der Nachweis von *C. botulinum* oder seinen BoNT.

Material und Methoden

Insgesamt wurden 139 Milchviehbetriebe in Norddeutschland untersucht. Fallbetriebe wiesen ein chronisches Krankheitsgeschehen auf, das bei der Auswahl anhand von fünf Einschlusskriterien definiert war (herabgesetzte Milchleistung, erhöhte Abgangsrate, erhöhte Rate von Todesfällen, erhöhtes Aufkommen von milchfieberartigem Festliegen, Eindruck eines erhöhten Krankheitsaufkommens). Mindestens drei von fünf Kriterien mussten erfüllt sein. Fall-1-Betriebe (F1, n=45) führten keine Impfung gegen Clostridien durch, F2-Betriebe (F2, n=47) setzten eine Impfung gegen Clostridien ein, aber nicht gegen *C. botulinum*. Kontrollbetriebe durften keines der Einschlusskriterien erfüllen (K, n=47). In jedem Betrieb wurden fünf klinisch unauffällige und fünf chronisch kranke Tiere ausgesucht und klinisch untersucht. Für die Clostridiendiagnostik wurden Pansensaft- und Kotproben entnommen. Insgesamt wurden n=1389 Tiere untersucht. Des Weiteren erfolgte eine detaillierte Erhebung über die Betriebsgegebenheiten einschließlich Haltung, Hygiene, Fütterung und Management.

Die Untersuchung auf *C. botulinum* umfasste eine anaerobe Kultur und Clostridienanreicherung aus Kot- und Pansensaftproben mit nachfolgender Speziesdifferenzierung der erhaltenen Clostridienisolate mittels 16S-rRNA-Sequenzanalyse sowie Singleplex-Real-Time-PCR zur Identifizierung von BoNT-Genen nach Anreicherung (Institut für Lebensmittelqualität und -sicherheit). Weiterhin wurden Kotproben untersucht, um mittels Maus-Bioassay direkt BoNT und zusätzlich über eine Singleplex-PCR direkt aus Probenmaterial oder indirekt nach Anreicherung (Friedrich-Loeffler-Institut, Jena) BoNT nachzuweisen.

Ein Betrieb galt als *C.-botulinum*-positiv, wenn in mindestens einer Probe, die von einem Tier stammte, mit mindestens einem der genannten Verfahren ein positiver Nachweis erfolgte. Ein Tier galt als positiv, wenn in mindestens einer Probe (Kot, Pansensaft) mit mindestens einem Verfahren ein positiver Nachweis erfolgte.

Ergebnisse

Aus insgesamt 7934 untersuchten Clostridienisolaten konnte nur einmal *C. botulinum* Typ B, und zwar aus der Kotprobe eines Kontrolltieres aus einem F2-Betrieb, kulturell isoliert werden. Im Maus-Bioassay wurde in keiner Kotprobe BoNT nachgewiesen. Hinsichtlich des Vorkommens von BoNT-Gen waren insgesamt 24,5 % der Betriebe positiv (F1: 22,2 %; F2: 27,7; K: 23,4 %). Das Odds Ratio für das Vorkommen von *C. botulinum* auf Betriebsebene war 1,0909 (KI: 0,4784–2,4863) ($p > 0,05$). Der Anteil positiver Verdachtstiere betrug 6,2 % (F1), 11,1 % (F2) und 6,8 % (K). Bei den Kontrolltieren lag die Häufigkeit bei 5,8 % (F1), 9,4 % (F2) und 8,1 % (K). Das Odds Ratio für einen positiven *C.-botulinum*-BoNT-Gennachweis und dem Status eines Verdachtstieres lag bei 1,0820 (KI: 0,4967–2,3571; F1), 1,1988 (0,6585–2,1822; F2) und 0,8306 (0,4611–1,6577) ($p > 0,05$).

Diskussion

Im Rahmen dieser Studie kann mit dem aktuellen Stand der Auswertung mittels einfaktorieller univariater logistischer Regression ein direkter und deutlicher Zusammenhang zwischen dem Auftreten von *C. botulinum* und einem chronischen Krankheitsgeschehen auf Milchviehbetrieben nicht bestätigt werden. Zu beachten ist, dass BoNT, also das Neurotoxin selbst, in keiner untersuchten Probe nachgewiesen und somit nicht in Zusammenhang mit der Entstehung des postulierten Krankheitsbildes gebracht werden konnte. Zudem wurde

das einzige *C. botulinum*-Isolat ausgerechnet bei einem klinisch unauffälligen Kontrolltier gefunden. Der Nachweis des Toxingens weist lediglich die Präsenz von Zellmaterial oder Sporen nach, wobei dies keine Aussage darüber zulässt, ob die Zellen noch intakt waren, sich vermehren konnten oder in der Lage gewesen wären, in vivo Toxin zu produzieren. Momentan deuten die Ergebnisse daher darauf hin, dass *C. botulinum* nicht der Hauptexpositionsfaktor für die Entstehung der Problematik in den betroffenen Betrieben ist. Ob der Erreger in Verbindung mit anderen Faktoren an der Entstehung von chronischen Krankheitsgeschehen beteiligt ist oder welche anderen Faktoren für die Entstehung verantwortlich sein können, soll in weitergehenden komplexeren statistischen Analysen untersucht werden.

Literatur

Böhnel H, Schwagerick B, Gessler F. (2001) Visceral botulism – A new form of bovine *Clostridium botulinum* toxication. *J Vet Med A* 48 (6): 373–383.

EVSA (2003) Opinion of the scientific panel on biological hazards on the request from the Commission related to *Clostridium* spp. in foodstuff. *The EFSA Journal* 199 (4): 1–65.

Dahlenborg M, Borch B, Radström P (2003) Prevalence of *Clostridium botulinum* types B, E and F in faecal samples from Swedish cattle. *Int J Food Microbiol* 82 (2): 105–110.

Schwagerick B, Böhnel H. (2001) Eine chronische Erkrankung bei Milchkühen mit Nachweis von Botulinumtoxin – eine Fallstudie. *Prakt Tierarzt* 82 (7): 516–524.

2.11 Globale Warenketten erzeugen globale Risiken

Bernd Appel, Annemarie Käsbohrer, Matthias Filter
Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit, Berlin

Zusammenfassung

Der Handel von Lebensmitteln und Konsumgütern wird sich durch die stetig verändernden geopolitischen, ökologischen und ökonomischen Rahmenbedingungen in den nächsten Jahren weiter grundlegend verändern (http://www.pwc.com/en_GX/gx/transportation-logistics/tl2030/assets/pwc-tl2030-pub.pdf). Es ist daher damit zu rechnen, dass veränderte Handelsstrukturen im Bereich der Lebensmittel auch neue Risiken für den Verbraucher bergen. Ein Indiz für derartige Trends stellen die Veränderungen bei den in den letzten Jahren weltweit zu beobachtenden lebensmittelbedingten Krankheitsausbrüchen dar (http://www.bfr.bund.de/de/norovirus_ausbruch_2012-133211.html; http://www.bfr.bund.de/de/ehec_ausbruch_2011-128212.html; http://en.wikipedia.org/wiki/List_of_foodborne_illness_outbreaks_by_death_toll).

Daher ist es nach Einschätzung des BfR erforderlich, neue Lösungskonzepte zur Bewertung und Bewältigung von Krisensituationen zu entwickeln, die insbesondere auch die Chancen aus kooperativen Initiativen der im Lebensmittelbereich tätigen Stakeholder nutzen. Hintergrund ist, dass die Vermeidung natürlicher oder absichtlicher Lebensmittelkontaminationen heutzutage nicht nur für nationale und internationale Behörden, sondern auch für Lebensmittelunternehmen eine zunehmende Bedeutung erlangt hat.

In der Vergangenheit sind zur Erreichung dieses übergeordneten Ziels bereits vielfältige Anstrengungen in diversen internationalen Organisationen (z.B. FAO, WHO mit Codex Alimentarius), in nationalen und internationalen Behörden (z.B. EFSA) sowie in Industrietragenden Organisationen (z.B. BRI, IFS, GlobalG.A.P., GFSI u.a.) unternommen worden. Viele der identifizierten Maßnahmen werden mit zunehmendem Erfolg ein- und umgesetzt (z.B. HACCP, Standardisierung, Zertifizierung, Schulungen etc.).

Auch eröffnet der zunehmende Einsatz von Informations- und Sensortechnologien im Agrar- und Lebensmittelsektor erhebliches Potenzial, Lebensmittelsicherheit und -qualität in einem globalen Marktumfeld zu gewährleisten. So erhöht sich die verfügbare Datenmenge auf allen Stufen des Agro-Food-Sektors signifikant und die Möglichkeiten zur On-Demand-Verarbeitung großer Datenmengen verbessern sich ebenfalls rasant. Bereits verfügbare Methoden und Algorithmen zur Ableitung von Daten-basiertem „Wissen“ (Modelle) finden zunehmend praktische Anwendung (Data Mining). Auch wird die Bedeutung von Datenstandards zur Bereitstellung und zum Austausch von Daten und Modellen in vielen Bereichen erkannt und geeignete Standards werden entwickelt und unterstützt (AgroXML, EANCOM, PMML, SDMX etc.).

Allerdings ist eine zentrale Herausforderung für eine kooperative Zusammenarbeit im Bereich der Lebensmittelsicherheit derzeit noch nicht gelöst: Ressourcen zu entwickeln, die eine für alle Stakeholder offene, qualitätsgesicherte Bereitstellung von Daten und Modellbasiertem Wissen ermöglichen. Im Bereich des Modell-basierten Wissens könnten derartige Ressourcen z.B. Wachstumsmodelle von Nutzpflanzen und -tieren unter diversen klimatischen Bedingungen, epidemiologische Modelle zur Ausbreitung von Schädlingen, Dosis-Wirkungs-Modelle für Krankheitserreger, Wachstums-, Inaktivierungsmodelle oder Stoffwechselmodelle von Erregern/Kontaminanten enthalten. Auch sollten Modelle integriert werden, die für Expositionsabschätzungen relevant sind, z.B. Verzehrmodelle, Transportmodelle, Temperatur-Zeit-Modelle für Transport und Lagerung von Lebensmitteln bis hin zu Modellen, die Standard-Prozessparameter von Lebensmittelherstellungsprozessen beschreiben.

Standardisierte Datenformate sind dabei auch für eine erfolgreiche integrative Nutzung von Modellen entscheidend.

Ungeachtet der noch bestehenden Herausforderungen könnte eine Community-getragene Modellbibliothek wesentlich dazu beitragen, dass die sich durch neue Informationstechnologien ergebenden Potenziale auch gesamtgesellschaftlich genutzt werden. Dies ist insbesondere auch im Interesse privatwirtschaftlicher Unternehmen, da im Bereich der Lebensmittelsicherheit langfristig ein auf die eigenen Produkte beschränktes Handeln nicht zielführend ist. Vielmehr muss die Gewährleistung der Lebensmittelsicherheit durch gemeinschaftliche Anstrengungen aller Stakeholder unter optimierter Nutzung des verfügbaren Wissens vorangetrieben werden.

Die am BfR im Rahmen mehrerer nationaler und internationaler Forschungsprojekte erarbeiteten Softwarelösungen können durch die konsequente Auslegung als Open-Source-Software bereits jetzt einen wichtigen Beitrag zur Risikobewertung leisten. Gleichzeitig tragen sie wesentlich zum Aufbau von Community-getragenen Wissensdatenbanken und somit zu einer verbesserten Nutzung von Wissen bei. Durch die fortdauernde Einbindung behördlicher, wissenschaftlicher und privatwirtschaftlicher Stakeholder in die Entwicklungsarbeiten wird zudem sichergestellt, dass die Lösungen zukünftig sowohl national als auch international akzeptiert und eingesetzt werden können.

2.12 Prädiktive Mikrobiologie in der Risikobewertung – PMM-Lab als Werkzeug

Matthias Filter, Christian Thöns, Armin Weiser, Alexander Falenski, Bernd Appel, Annemarie Käsbohrer

Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit, Berlin

Zusammenfassung

Die international immer stärker vernetzten Lieferbeziehungen auf allen Stufen der Lebensmittelproduktion generieren veränderte Risiken für den Verbraucher. Daher ist es eine besondere Herausforderung, relevante wissenschaftliche Fachinformationen derart aufzubereiten, dass im Krisenfall fundierte Expositionsabschätzungen und Risikobewertungen schnell erstellt werden können. Dabei sollten Softwaretools derart konzipiert sein, dass sie schnell an sich ändernde Informationsstrukturen angepasst werden können. Für den Bereich der prädiktiven Mikrobiologie wurde am Bundesinstitut für Risikobewertung zu diesem Zweck eine modular aufgebaute Open-Source-Software namens PMM-Lab entwickelt. PMM-Lab unterstützt erforderliche Datenverarbeitungs- und Modellierungsaufgaben unter anderem auch durch Integration einer umfassenden Datenbankfunktionalität. PMM-Lab wurde als Community-Softwareprojekt konzipiert und steht Nutzern unter <http://sourceforge.net/p/pmmlab/> kostenfrei zum Download zur Verfügung. Im Zusammenspiel mit der Software FoodProcess-Lab (<http://sourceforge.net/p/foodprocesslab/>) können beliebige Kontaminationsszenarien aus dem Bereich der Lebensmittelherstellung und –verarbeitung simuliert und analysiert werden. Berechnungsmodelle und Analyseergebnisse werden transparent dokumentiert und sind jederzeit abrufbar.

Ergebnisse

Im Rahmen mehrerer nationaler und internationaler Forschungsprojekte (insbesondere im BMBF-Projekt SiLeBAT) wurden am BfR Softwaretools erarbeitet, die unter Anwendung von Modellierungsverfahren einen Beitrag zur effizienten Bewertung von Risiken leisten können.

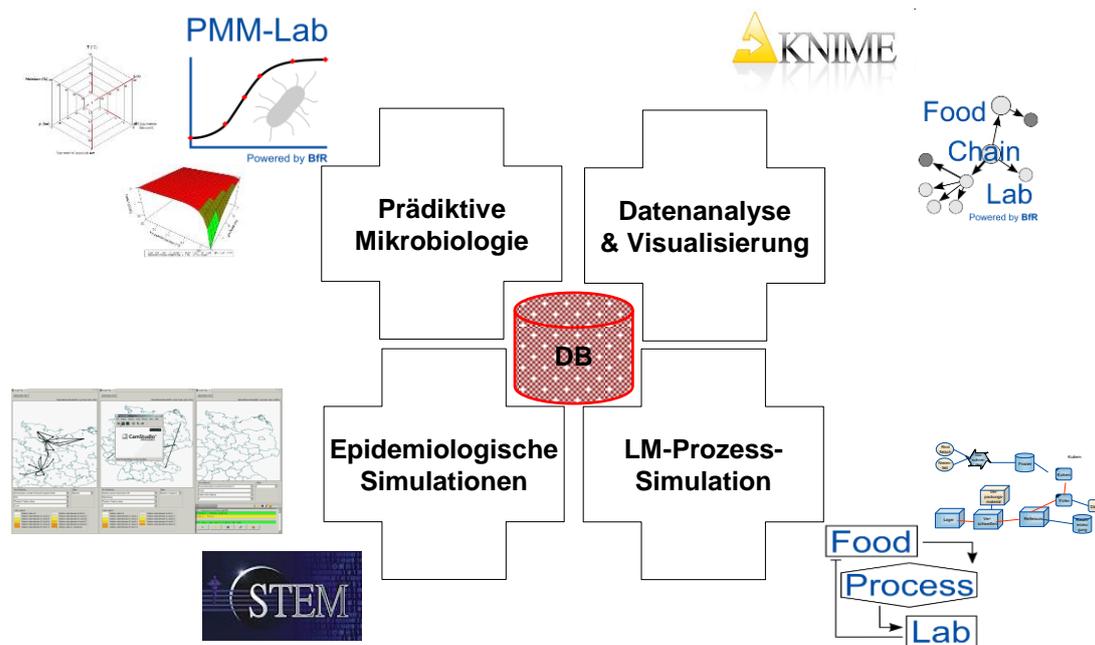


Abbildung 1: Ausgewählte Softwaretools zur Modellierung von Warenketten (LM = Lebensmittel)

Als Schnittstelle zwischen den verschiedenen Tools spielt eine Datenbank (DB) eine zentrale Rolle. Die Datenbank wurde als HSQL-Datenbank realisiert und wurde in das auch für die Toolentwicklung verwendete Open Source Datenanalyse-Framework KNIME (www.knime.org) integriert. Die DB ermöglicht es Nutzern, Informationen (z.B. aus wissenschaftlichen Fachveröffentlichungen) strukturiert zu erfassen und den Modellierungs- (z.B. „PMM-Lab“) bzw. Simulationstools (z. B. „FoodProcess-Lab“) zugänglich zu machen. Die entwickelte Datenbanklösung ist mit einer nutzerfreundlichen grafischen Benutzeroberfläche (GUI) ausgestattet, sodass Anwender bei der Datenerfassung durch hilfreiche Funktionen unterstützt werden (Such-, Look-Up-, Export-, Importfunktionen, Plausibilitäts-Checks). Auch wurde in der DB eine Möglichkeit geschaffen, Bewertungen zur Datenqualität bereits bei Datenerfassung abzugeben (Gütescore, Kommentare).

PMM-Lab

Die Software PMM-Lab ist eine Erweiterung zur Open Source Datenanalyseplattform KNIME. PMM-Lab bietet umfangreiche Funktionalitäten zur Umsetzung von Modellierungsaufgaben im Bereich der prädiktiven Mikrobiologie sowie zur Erfassung prädiktiver mikrobieller Modelle aus der wissenschaftlichen Fachliteratur.

Die Software-Homepage <http://sourceforge.net/p/pmmlab/> beinhaltet ein Wiki, in dem die einzelnen Funktionalitäten sowie Hintergrundinformationen zur Software beschrieben sind. PMM-Lab, alle Dokumentationen auf der Homepage und alle auf der Projektseite genutzten Ressourcen (Wiki, Ticket-System, Projektplan etc.) wurden in englischer Sprache angelegt und gepflegt, um auch Anwendern aus der internationalen prädiktiven Mikrobiologie-Community (Wissenschaftler, Lebensmittelindustrie) die Nutzung zu ermöglichen.

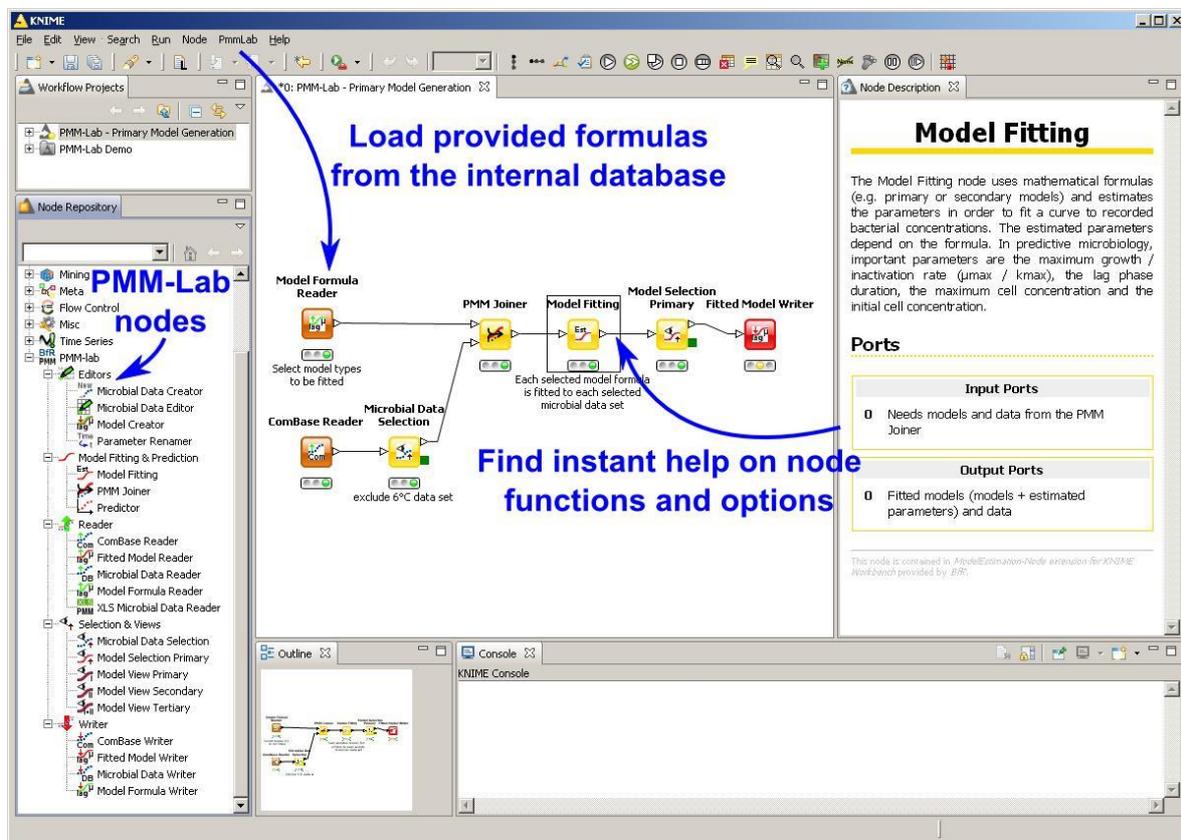


Abbildung 2: Screenshot der PMM-Lab Software

FoodProcess-Lab

Die Software FoodProcess-Lab (<http://sourceforge.net/p/foodprocesslab/>) ist wie PMM-Lab eine Erweiterung zur Open Source Datenanalyseplattform KNIME. FoodProcess-Lab ermöglicht die Simulation der Vermehrung von Erregern innerhalb von Lebensmittelherstellungsprozessen. Dabei kann auf die mit PMM-Lab erstellten erregerspezifischen Tenazitätsmodelle sowie auf den Bereich Prozessketten der integrierten Datenbank zurückgegriffen werden.

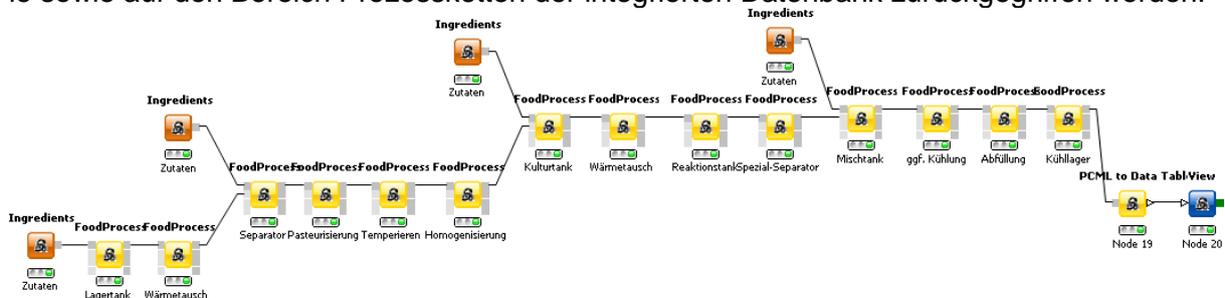


Abbildung 3: Darstellung eines Frischkäse-Herstellungsprozesses mit FoodProcess-Lab

Fazit

Die aus BfR-Forschungsprojekten des Bereichs „Sicherheit von Warenketten“ hervorgegangenen Informations- und Softwareressourcen werden derzeit zum Aufbau von Modellbasierten „Knowledge Bases“ im Bereich der Lebensmittelsicherheit genutzt. Besondere Herausforderungen ergeben sich derzeit aus der fehlenden Harmonisierung von Bewertungsmodellen und fehlenden Standards zum Informationsaustausch. Erste Lösungsansätze werden dazu bereits erarbeitet und international abgestimmt (<http://sourceforge.net/projects/microbialmodelingexchange/>).

2.13 Produktschutz – ein weiterer Baustein des Verbraucherschutzes

Anja Buschulte

Bundesinstitut für Risikobewertung, FG Lebensmitteltechnologische Verfahren, Warenketten und Produktschutz, Berlin

Verbraucherschutz umfasst alle Bestrebungen, Regelungen und Maßnahmen, die Menschen in ihrer Rolle als Verbraucher von Gütern oder Dienstleistungen schützen sollen. Das Lebensmittel- und Futtermittelgesetzbuch (LFGB) ist die wichtigste nationale Rechtsnorm zur Gewährleistung des Verbraucherschutzes bei Lebensmitteln, Futtermitteln, kosmetischen Mitteln und Bedarfsgegenständen. Das vorrangige Ziel des LFGB stellt dabei der Schutz der Verbraucher vor Gesundheitsgefahren dar. Gesundheitliche Beeinträchtigungen können beispielsweise durch Gefahren biologischer, chemischer oder physikalischer Art verursacht werden.

Die rechtliche Hauptverantwortung für die Sicherheit von Lebensmitteln trägt nach europäischem Recht der Lebensmittelunternehmer. Lebensmittelunternehmen, die Lebensmittel herstellen, verarbeiten oder in den Verkehr bringen, sind demnach verpflichtet, die Produktsicherheit auf allen Produktionsstufen zu gewährleisten. Hierzu wird im Rahmen der Eigenkontrolle die Einrichtung von entsprechenden Programmen und Verfahren auf Grundlage der Hazard Analysis Critical Control Point (HACCP)-Grundsätze gefordert. Das HACCP-Konzept ist nach Codex Alimentarius (FAO/WHO Codex Alimentarius Commission, 1996) „ein System, das dazu dient, bedeutende gesundheitliche Gefahren durch Lebensmittel zu identifizieren, zu bewerten und zu beherrschen“. Der Fokus liegt hierbei auf natürlichen oder produktionstechnisch bedingten Gefahren. Die langjährige Etablierung und die daraus resultierende Erfahrung beim Einsatz dieser Verfahren gewährleisten eine hohe Lebensmittelsicherheit hinsichtlich der genannten akzidentellen Gefahren.

Der Schutz der Lebensmittelkette vor einer absichtlichen Kontamination (im englischen Sprachgebrauch „food defense“; deutsch „Produktschutz“) stand hingegen bis vor wenigen Jahren kaum im Fokus der Betrachtung möglicher Gefahren. Deutlich wird dies auch daran, dass bisher keine rechtliche Implementierung des Themas Produktschutz in nationalen oder europäischen Rechtsgrundlagen erfolgte. Die internationalen Lebensmittel-Standards (z.B. International Featured Standard [IFS] Food, British Retail Consortium [BRC] Global Standard Food, Food Safety System Certification 22000 [FSSC]) haben den Produktschutz hingegen in ihr Zertifizierungsverfahren integriert. Sie fordern seit einigen Jahren von den Lebensmittelunternehmen u.a. die Umsetzung eines Produktschutzkonzeptes mit einer dokumentierten Gefahren- oder Schwachstellenanalyse, das die Produktionssicherheit bezüglich einer absichtlichen Kontamination sicherstellen soll.

Das Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) hat sich in verschiedenen Forschungsprojekten mit dem Thema der absichtlichen Kontamination von Lebensmitteln befasst. Einer der zentralen Punkte war dabei die frühzeitige Identifikation bzw. Prävention einer solchen Kontamination. Daher wurden am BfR verschiedene Möglichkeiten und Verfahren zur Prävention evaluiert bzw. erarbeitet. Die Durchführung einer Analyse, die die Identifikation möglicher Schwachstellen für eine Einbringung von Agenzien zum Ziel hat, wurde als eine sinnvolle Präventionsmaßnahme identifiziert. Vor diesem Hintergrund erarbeitete das BfR die sogenannte Produktschutz-Checkliste. Diese kann zur Durchführung einer systematischen und eigenständigen Analyse möglicher Schwachstellen im Hinblick auf eine absichtliche Kontamination in Prozessketten herangezogen werden. Außerdem erhalten die Nutzer die Möglichkeit, gezielte Präventionsmaßnahmen für ihren Prozessablauf bzw. den Betrieb zu erarbeiten und zu etablieren. Durch die Anwendung der Checkliste wird zudem ein Bewusstsein für die Problematik geschaffen.

Das BfR hat des Weiteren im Rahmen einer Kooperation mit der Food and Drug Administration (FDA) eine deutsche Version des amerikanischen Food Defense Plan Builders (FDA, 2013), den sogenannten Produktschutzplaner, erarbeitet. Der von der FDA entwickelte Food Defense Plan Builder basiert auf dem vom Food Safety and Inspection Service (FSIS) des United States Department of Agriculture (USDA) entwickelten Food Defense Plan. FSIS hat dazu die Schritte, die generell in HACCP-Konzepten umgesetzt werden, für den Bereich Produktschutz aufgegriffen und zu einem Food-Defense-spezifischen Plan entwickelt. Bei dem deutschen Produktschutzplaner handelt sich um ein Softwareprogramm, mit dem Unternehmen betriebsspezifische Produktschutzpläne erstellen können. Die durch das Programm erstellten Produktschutzpläne dokumentieren die Maßnahmen, die zur Kontrolle und/oder Minimierung der Gefahr einer absichtlichen Kontamination umgesetzt werden.

Im Vortrag werden Inhalt und Anwendung der genannten Arbeiten des BfR zum Thema Produktschutz dargestellt. Die Einbindung eines Produktschutzverfahrens oder –systems in die bereits bestehenden, effektiven Qualitätsmanagement (QM)- bzw. Krisenmanagementsysteme scheint sinnvoll zu sein. Einerseits sind einige Aspekte des Produktschutzes bereits Teil dieser Systeme. Andererseits sind die Verfahrensweisen im QM den zuständigen Qualitätsmanagementbeauftragten langjährig bekannt und geübt, sodass es wenig sinnvoll erscheint, ein neues, paralleles System aufzubauen. Die Einbindung des Produktschutzes in die bestehenden Verfahren zum Qualitätsmanagement könnte so den Verbraucherschutz um einen weiteren Aspekt ergänzen und als zusätzliche Maßnahme zur Erhöhung der Lebensmittelsicherheit betrachtet werden.

Literatur

Food and Drug Administration (FDA) (2013). Food Defense Plan Builder.
<http://www.fda.gov/Food/FoodDefense/ToolsEducationalMaterials/ucm349888.htm>.

Lebensmittel- und Futtermittelgesetzbuch in der Fassung der Bekanntmachung vom 3. Juni 2013 (BGBl. I S. 1426), das zuletzt durch Artikel 1 der Verordnung vom 28. Mai 2014 (BGBl. I S. 698) geändert worden ist.

2.14 Tracing the Bug – Tools zur Vorwärts- und Rückverfolgung von Lebensmitteln

Armin A. Weiser, Christian Thöns, Matthias Filter, Bernd Appel, Annemarie Käsbohrer
Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit, Berlin

Zusammenfassung

FoodChain-Lab ist eine Open-Source-Software zur Vorwärts- und Rückverfolgung von Lebensmitteln, deren Entwicklung durch mehrere Lebensmittelkrisen in Deutschland seit 2011 motiviert wurde. Die Software besteht aus einem integrierten, flexiblen Datenmanagementbereich sowie Komponenten zur Analyse und Visualisierung von Warenketten. FoodChain-Lab bietet zudem Möglichkeiten zum interaktiven Brainstorming, indem z.B. auch Kreuzkontaminationen und geografische Zusammenhänge simuliert werden können. Für jedes Lebensmittel wird ein Score errechnet, der ausdrückt wie wahrscheinlich es mit dem untersuchten Ausbruchsgeschehen in Verbindung steht. Dabei kann der Weg jeder einzelnen Zutat bis zu ihrer jeweiligen Quelle genau rückverfolgt werden. FoodChain-Lab trug wesentlich zu erfolgreichen Ausbruchsuntersuchungen bei, z.B. während des EHEC-Ausbruchs im Jahr 2011 oder dem Hepatitis-A-Ausbruch in Europa 2013/2014.

Allgemein

FoodChain-Lab wurde im Rahmen des BMBF-Projekts SiLeBAT entwickelt. Es ist eine Erweiterung der Open Source Datenanalyseplattform KNIME.

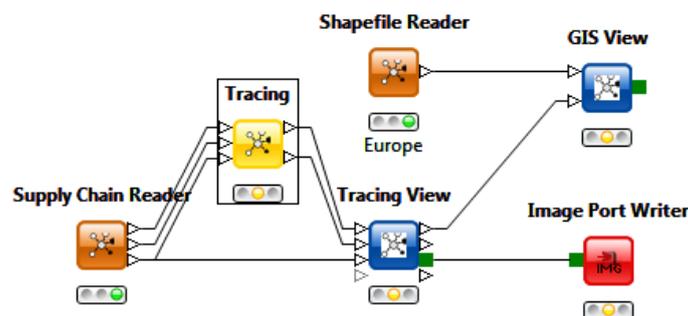


Abbildung 1: KNIME- Workflow "Tracing und Visualisierung"

Durch die Einbindung in KNIME bietet FoodChain-Lab umfangreiche Analyse- und Visualisierungsmöglichkeiten zur Vor- und Rückverfolgung von Warenketten. FoodChain-Lab ist lizenziert unter der GNU GPL und frei verfügbar unter <http://silebat.github.io/BfROpenLab>. Dort finden sich auch eine Installationsanleitung, der Quellcode, Beispielworkflows, Beispieldaten sowie ein Video-Tutorial. Nach der Installation ist es möglich, innerhalb von FoodChain-Lab weitere detailliertere Dokumentationen der Funktionalitäten und Optionen einzusehen.

Datenbedarf

Entscheidend für die Funktionalität der Software ist die strukturierte Erfassung von Lieferdaten mit Bezug zum lebensmittelbedingten Krankheitsausbruch. FoodChain-Lab unterscheidet dabei zwei Hauptentitäten: STATION und LIEFERUNG. Eine STATION kann alles sein, was eine Lieferung empfängt oder versendet – in der Regel ist das ein Betrieb, es kann aber z.B.

auch eine Person sein, die ein Lebensmittel konsumiert hat. Eine LIEFERUNG ist eine Lieferung, sie kann noch unterteilt werden in Produkt und Charge.

Die Software ermöglicht den Import von Lieferdaten aus vordefinierten Excel-Templates, aber auch die direkte Eingabe über eine grafische Benutzeroberfläche. Zudem wird durch integrierte Plausibilitätstests den Nutzern Hilfestellung bei fehlerhaft oder unvollständig vorliegenden Daten gegeben.

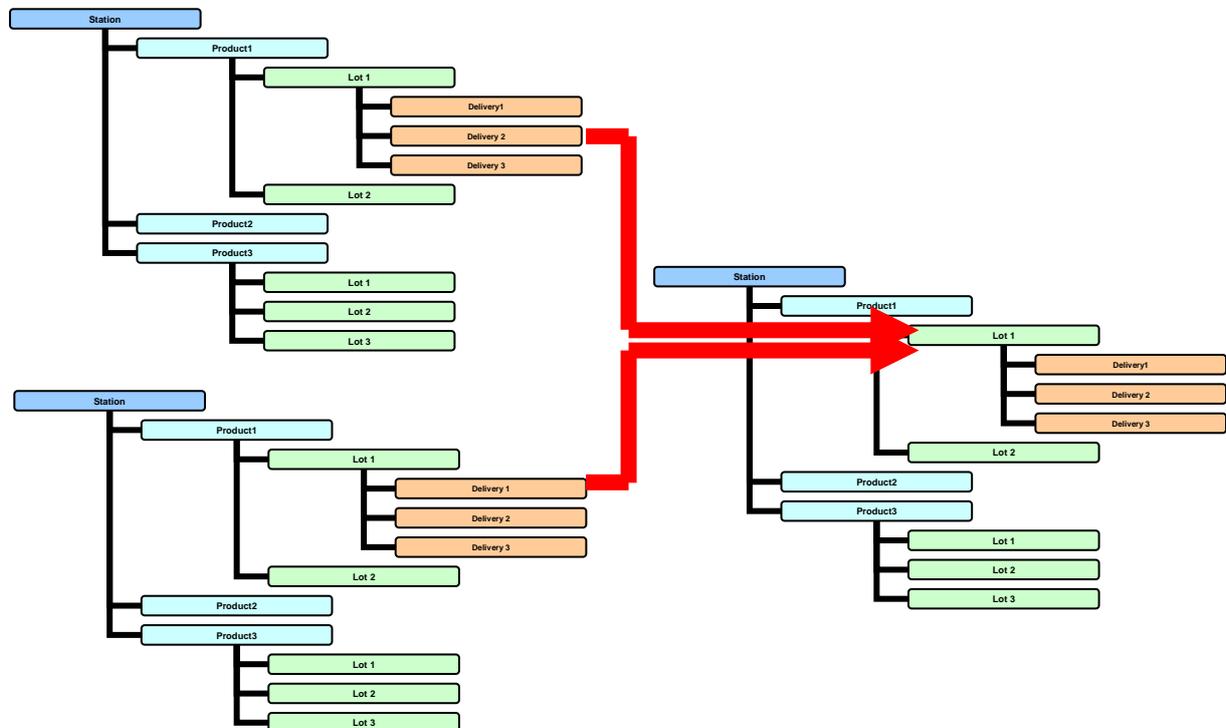


Abbildung 2: Prinzip der Erfassung der Daten zur Rekonstruktion der Warenkette in FoodChain-Lab

Analyse/Visualisierungen

FoodChain-Lab berechnet Scores für jedes Lebensmittel vollautomatisch und instantan, d.h., dass jede Änderung der Datengrundlage oder jede interaktive Analyse – z.B. Annahme einer Kreuzkontamination oder eines regionalen Zusammenhanges – sofort zur Aktualisierung der Ergebnisse führt. FoodChain-Lab ist so konzipiert, dass Ergebnisse sogleich auch visuell angepasst werden. So ist z.B. die Größe einer Station in der Visualisierung proportional zu der geschätzten Wahrscheinlichkeit, Quelle des Ausbruchsgeschehens zu sein. Diese Funktionalität prädestiniert FoodChain-Lab für Brainstormingsitzungen oder für den Einsatz in Lagezentren von Ausbruchsuntersuchungen.

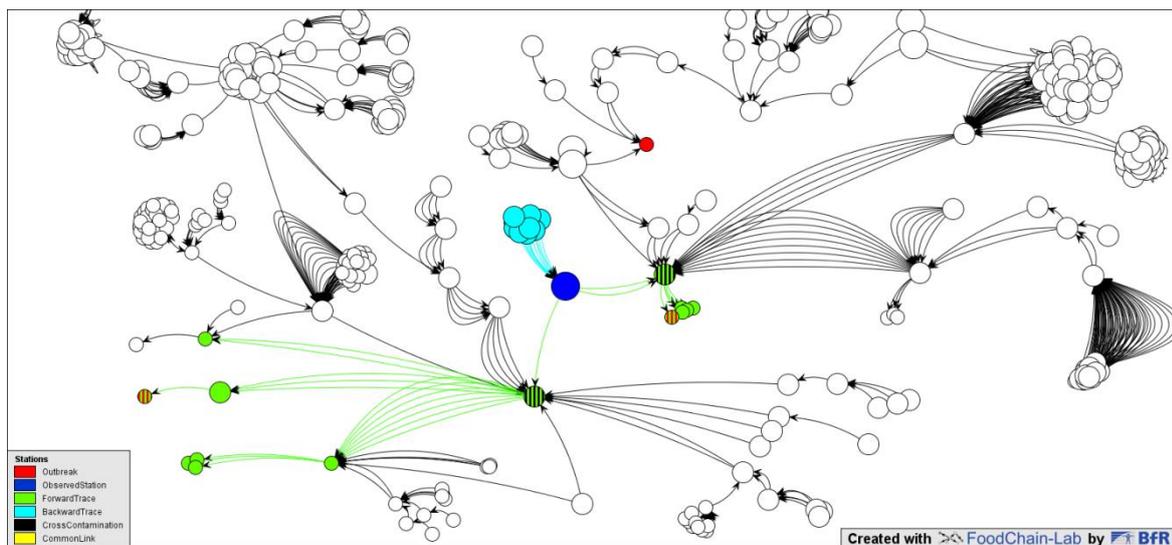


Abbildung 3: Interaktive Netzwerkvisualisierung und Vor- und Rückverfolgung der Warenketten. Die grün markierten Lieferungen und Stationen liegen auf dem Vorwärtstrace, die türkis eingefärbten auf dem Rückwärtstrace der blau markierten Station. Rot markiert sind die Ausbruchsorte. Zwei Ausbruchsorte können hier durch die blaue Station erklärt werden, der dritte nicht.

Fazit

FoodChain-Lab ist frei verfügbar, leicht zu handhaben und weist umfangreiche Analyse- und Visualisierungsfunktionen auf. Als modulare Open-Source-Softwarelösung ist es zudem leicht erweiterbar und somit zur Unterstützung von Ausbruchsuntersuchungen behördlicher Einrichtungen besonders geeignet.

2.15 Public perceptions, knowledge, preventive behavior and sources of information during a large-scale *Salmonella* outbreak in the Netherlands: An online survey

Desirée J.M.A. Beaujean¹, Lex van Velsen^{1,2}, Julia E.W.C. van Gemert-Pijnen², Jim E. van Steenbergen^{1,3} Aura Timen¹

¹ National Institute of Public Health and the Environment, Centre for Infectious Disease Control, Bilthoven, The Netherlands

² University of Twente, Dept. of Psychology, Health and Technology, Enschede, The Netherlands

³ Leiden University Medical Center, Leiden, The Netherlands

Introduction

With an estimated 80.3 million cases each year, food-borne *Salmonella* infections are a worldwide concern. In developing areas in Africa, Asia and South-America, *Salmonella Typhi* and *Paratyphi* are an important cause of severe illness, leading to more than 20 million cases and 200.000 deaths in children and young people every year. As there are many different types of food-borne *Salmonella*, each with their own food sources, control is difficult. Proper hygiene in the kitchen (e.g., washing hands, thoroughly heating and baking meat) can prevent a *Salmonella* infection. Educating the public about food safety is crucial in preventing food-borne infections. Food-borne *Salmonella* infections should be prevented by educating the general public about adequate cooking of food, and by instructing them about the risks of cross-contamination. Traditional communication means, such as flyers, are well suited to achieve these educational goals. However, when a food-borne infection breaks out on a large scale, the dynamics of the situation shift tremendously. Due to an uncertain course of events, decisions have large consequences, the general public is stressed, and the media is eager for news. In these circumstances, health organizations should inform the public about the situation and persuade them to take preventive actions. To be effective in this endeavor, they should use the communication channels the general public expects them to use, and provide the public with the information they want and need. Research on the information behavior of the general public during infectious disease outbreaks is scarce. But this knowledge is crucial in serving the general public in their information needs, and in maximizing citizen compliance with preventive advice.

Case

In the beginning of August 2012, an outbreak of *Salmonella* Thompson occurred in the Netherlands, later traced back to contaminated smoked salmon from one producer. By September 28, all smoked salmon of this producer was recalled. In the following week, other products containing this producer's smoked salmon (e.g., salads) were also recalled. Citizens were advised to check the batch number of their products and to dispose of possible contaminated products. After implementing those measures, the number of cases decreased rapidly and by the end of 2012, the outbreak came to an end. 1,149 laboratory-confirmed patients and four deaths were reported. The actual number of patients is thought to be higher, as individual cases of *Salmonella* gastro-enteritis are not mandatory notifiable in the Netherlands and laboratory confirmation usually merely takes place in a fraction of all patients presenting with diarrhea.

Survey

We developed an online survey to assess the general public's perceptions, knowledge, preventive behavior, and information use during the 2012 *Salmonella* Thompson outbreak. Respondents were recruited by a commercial panel that also hosted the survey in their online

environment. The first invitation was sent out on November 13, 2012. The survey was closed on November 20, 2012. In total, 1,057 respondents completed the survey.

Results

Perceptions

Respondents perceived *Salmonella Thompson* to be quite a severe infection ($m = 4.21$; $SD = .76$). This finding is corroborated by the comparison respondents made between a *Salmonella* infection and other illnesses. This comparison shows that *Salmonella* is estimated as severe as asthma and diabetes. The 2012 outbreak was also estimated as quite severe ($m = 4.12$; $SD = .86$). Respondents' mean interest in health information ($m = 3.15$; $SD = .71$), and their perceived health ($m = 3.49$; $SD = .77$) were neutral.

Knowledge

We assessed respondents' knowledge about *Salmonella* infections by nine true/false statements. The respondents appeared to be well informed, with a few exceptions. 39 % was unaware of the common sources of a *Salmonella* infection, 47,5 % unaware of its incubation period, and 71,3 % was unaware of how *Salmonella* is treated in general. We calculated a sum score for each respondent's knowledge (with a maximum of 9). The mean score was 6.91 ($SD = 1.11$).

Preventive behavior

Respondents' self-reported application of measures to prevent a *Salmonella* infection during the outbreak was below the neutral point ($m = 2.35$; $SD = 1.07$), as was their estimation of an increase in kitchen hygiene during the outbreak ($m = 2.31$; $SD = 1.03$). However, in both cases standard deviations are quite high, implying that there were people who increased their kitchen hygiene tremendously, and people who absolutely did not.

In our sample, eight respondents (.8 %) indicated to have gotten a *Salmonella* infection from eating contaminated salmon. A larger group (26 respondents; 2.5 %) knew someone in their close vicinity (friends or family) who ate contaminated salmon and then got a *Salmonella* infection.

We asked the respondents whether they checked if they had salmon at home when they heard of the outbreak. It turned out that:

- 275 respondents (26.0 %) checked but did not have salmon at home.
- 99 respondents (9.4 %) checked and did have salmon at home.
- 684 respondents (64.7 %) did not check if they had salmon at home.

Next, we assessed what the 99 respondents did who had salmon at home:

- 55 respondents (55.2 %) found out their salmon was not contaminated.
- 22 respondents (22.6 %) threw all salmon away.
- 3 respondents (3.2 %) found out they had contaminated salmon and threw it away.
- 6 respondents (6.5 %) found out they had contaminated salmon, but did eat it.
- 12 respondents (12.5 %) did something else, mostly returning contaminated salmon to the supermarket.

Sources of information

In assessing the information behavior of the general public during the *Salmonella* outbreak, we made a distinction between passive and active information behavior [24]. Passive information behavior consists of situations in which a person receives information without actively

searching for it (e.g., listening to the radio, stumbling upon an item when surfing on a news website). In other words, a person is exposed to information without a direct and specific need for this information. Active information is caused by a question or explicit need for information, after which a person actively seeks out information.

Television was the medium that delivered most information, followed by radio and newspapers. News website nu.nl was also a relevant source of information. Finally, social media played a marginal role, whereby social network sites were more important than Twitter.

We also encountered active information behavior among the respondents. Ninety-one respondents (8.6 %) had a specific question about *Salmonella* infections in general or the outbreak in particular, or searched for more information. They turned to television (17 respondents), radio (8 respondents), a newspaper (20 respondents), the Internet (77 respondents), or a combination of several media.

Conclusion

This study aimed to determine which information health organizations should convey during a large-scale *Salmonella* outbreak, and by which channel, to maximize citizen compliance with preventive advice. We found that after the outbreak, the general public perceived *Salmonella* gastro-enteritis as severe, but the public did not wholeheartedly apply the advised preventive measures. Health organizations should use traditional media, and news and newspaper websites to inform the public, and to persuade them to take preventive actions. They should increase knowledge about *Salmonella* infections, and stimulate citizens to check for possibly contaminated products at their home, and to increase kitchen hygiene.

Future research should focus on the role Wikipedia can play during infectious disease outbreaks, not only those caused by *Salmonella*. We are especially interested in case studies in which health organizations have used Wikipedia as a public health education tool, and in how they experienced this in terms of public appreciation, and organizational investment. Furthermore, studies assessing the quality and completeness of health-related Wikipedia articles can be very valuable in helping health organizations decide on which articles they should use or improve the quality of. Finally, our study pointed out that there is a group of people who knowingly take risks by eating contaminated products during a *Salmonella* outbreak. A future study should focus on this group, and uncover their motivations for doing so (e.g., by interviewing patients with an infection who were seen by doctors during a *Salmonella* outbreak), to improve health education for this group.

2.16 Understanding Domestic Food Safety Practices – Analysis of the UK Food and You Survey

C. Roberts, E. Calcutt, D. Hussey, S. McManus
NatCen Social Research, London, UK

The Food Standards Agency (FSA) commissions Food and You, a biennial random probability, cross-sectional survey of adults aged 16 years and over living in private households in the United Kingdom (UK). This is the only national data source on food safety which monitors progress towards improving food hygiene behaviour in the home as well as providing general insight into domestic food safety practices. Improving understanding of the diversity of food safety practices allows FSA messages to be better targeted both in terms of population sub-groups and different food hygiene practices.

This paper presents findings from secondary analyses using data from Food and You Waves 1 (2010) and 2 (2012). It looks at the relationship between reported domestic food safety practices and a range of social variables including age, gender, household size, income and social class. Multiple regression analysis was carried out using a composite measure of food safety practices, the Index of Recommended Practice (IRP), as the outcome measure. The IRP comprises ten items on domestic food safety practice covering aspects of chilling, cleaning, cooking, cross-contamination and use-by dates. Each item is allocated a score of 1 for a response in line with FSA recommended practice or 0 for a response not in line with recommended practice. Overall score is then converted to a score out of 100 representing the extent to which respondents report practices in line with recommended practice.

The paper additionally reports analysis which investigates:

- Whether knowledge of food safety and attitudes towards food risk are linked to reported behaviour. For example, are those who know the recommended temperature for their fridge more likely to check their fridge temperature? And are those who think “a little bit of dirt won’t do you any harm” less likely to wash their fruit and vegetables before eating?
- Which sources of information on preparing and cooking food safely do people currently use e.g. retailers and food producers, friends and family, the internet, and which sources would people use in the future?
- When eating out, what proportion of people consider a good food hygiene rating important? What proportion actively uses one of the UK’s food hygiene rating schemes to check a catering outlet’s hygiene standards? And is there a relationship between using a food hygiene rating scheme when eating out and following recommended food safety practices when at home?

The findings from this paper address a number of questions to help us better understand the relationship between domestic food safety behaviour and other factors and adds to the body of research that attempts to answer two key questions about delivering food safety messages to the population: who to target and how.

2.17 *Campylobacter* Interventions: Consumer Acceptability

Laura A. Evans
Food Standards Agency, Aberdeen, Scotland

Introduction

In the UK *Campylobacter* caused approximately 300,000 food poisoning cases and cost a reported £900 million to the UK economy. In Scotland in 2013 the overall rate of reported *Campylobacter* incidence was 115.8 per 100,000, which is the highest incidence in the UK. The main source of *Campylobacteriosis* has been attributed to contaminated poultry. Therefore reducing the contamination of *Campylobacter* in poultry products is important for improving public health. However the public knowledge of *Campylobacter* and their views of interventions are unknown. The aim of this study is to address these points and to observe if supplying additional information on *Campylobacter* will change public opinion.

Method

The study area for this research was the North east region of Scotland (population approximately 500,000), and was considered to have a suitable rural and urban population to engage with. The survey was carried out using a paper-based questionnaire and included collecting views on concern, familiarity with *Campylobacter*, acceptability of interventions and effect of efficiency of interventions on cases. There were seven interventions selected from the literature that are used or could be used in the poultry industry; vaccination of live chickens on the farm, feeding chickens additives that kill bacteria on the farm, freezing chicken meat at processing plants, chemical/chlorine wash of chicken meat at processing plants, steaming of chicken meat at processing plants, irradiation treatment of chicken meat at processing plant and better hygiene practices on the farm. Variables used to analyse the data were rural/urban living location, level of concern and familiarity with *Campylobacter*.

Results

The results from a public perception questionnaire carried out in the Grampian Region of Scotland (n=210), showed that only 41 % of people had heard of *Campylobacter* and that 72 % were concerned that raw chicken carries harmful bacteria. The most acceptable interventions to reduce *Campylobacter* in the poultry processing were better hygiene practices on the farm (95 %) followed by freezing chicken meat (53 %). The least acceptable were chlorine washes (10 %) and irradiation (12 %). The participants were then provided with facts about *Campylobacter* before the question was repeated, however this time selecting the required effectiveness of the intervention. Chlorine washes and irradiation remained unacceptable by >50 % even if the interventions achieved a 90 % reduction in cases.

Conclusion

This study shows that the majority of the general public do not know about *Campylobacter* but are concerned about pathogenic bacteria in chicken. Further, the majority are opposed to interventions that involve chemical decontamination or radiation even once the public have been told about the full burden of human *Campylobacteriosis*. These views may restrict the industry and Government to act on controlling *Campylobacter* in poultry in this way unless appropriate communication channels are put in place to change the opinion of the general public.

2.18 Chlorhühnchen und Lebensmittelsicherheit

Lüppo Ellerbroek

Bundesinstitut für Risikobewertung, FG Lebensmittelhygiene und –virologie, Berlin

Salmonellen, *Campylobacter*, EHEC und andere Mikroorganismen können beim Menschen schwere Krankheiten auslösen. Verbraucher vertrauen darauf, dass im Handel angebotenes Fleisch sicher ist. Es werden deshalb vom Gesetzgeber auf allen Stufen der Herstellungs- und Vertriebskette Anstrengungen gefordert, um eine Infektion von Tieren und eine Kontamination der Schlachtkörper und Lebensmittel mit krankmachenden Keimen zu vermeiden – oder die Kontamination auf ein Niveau zu reduzieren, dass Erkrankungen des Menschen nicht zu erwarten sind.

Verfolgt man allerdings die Statistik der gemeldeten Zoonosenerkrankungen in Deutschland, so zeichnet sich seit Jahren ein Anstieg der Erkrankungen mit *Campylobacter*-Bakterien ab. Eine quantitative Reduktion von *Campylobacter* auf Hähnchenfleisch ist daher essentiell. Dazu sind strenge Hygienemaßnahmen und Kontrollen, z.B. im Rahmen von HACCP-Konzepten, erforderlich. Dennoch kommt es in der Praxis der Lebensmittelgewinnung vielfach zu Kontaminationen mit diesen Keimen. Ist also die Dekontamination ein zusätzliches und erforderliches Kontrollinstrument, um einen Rückgang der menschlichen *Campylobacter*-Erkrankungen zu erzwingen?

Im Prinzip ja. Bei der Dekontamination mit Milchsäure, NaCl/Citronensäure, Chlordioxid, Trinatriumphosphat oder Peroxysäuren lassen sich Keimreduktionen um ein bis zwei Zehnerpotenzen erreichen. Zu den Nachteilen zählt allerdings eine mögliche Resistenzentwicklung von Wirkstoffen auf Bakterien. Daneben können auch sensorische Qualitätsabweichungen wie Farb-, Aroma- und Strukturveränderungen auftreten. Weiterhin kann sich die Lagerfähigkeit des Fleisches verändern: Denn die reduzierte (Verderbnis-)Keimflora ermöglicht eine verlängerte Haltbarkeit durch das spätere Einsetzen des bakteriellen Verderbs.

Besonders intensiv wird der Einsatz von Dekontaminationsmitteln diskutiert, seitdem die Forderung nach einer „Nulltoleranz“ für Salmonellen in Geflügelfleisch besteht. Schon jetzt sind die Lebensmittelunternehmer verpflichtet, den Schlachtprozess unter den bestmöglichen hygienischen Bedingungen durchzuführen. Dies gelingt offenbar nicht immer im gewünschten Umfang. An zahlreichen Prozessschritten in der Geflügelfleischproduktionslinie scheint eine Kontamination von Fleisch, z.B. mit Salmonellen und *Campylobacter*, unvermeidlich. Hier wird die Anwendung von Milchsäure zur Dekontamination von Geflügelfleisch als eine pragmatische und zusätzliche Hygienemaßnahme/Kontrollmaßnahme gesehen.

Brauchen wir also Chlorhühnchen?

Die Verbraucherschaft erwartet sichere und unbedenkliche Lebensmittel. Gleichzeitig wurde die Frage, welches Verbraucherschutzniveau wir fachlich und gesamtgesellschaftlich bereit sind zu akzeptieren, noch nicht beantwortet. Die Schlachtung ist Teil der Lebensmittelkette. Erfolgreiche Maßnahmen bei der Schlachtung basieren auf allen zur Verfügung stehenden zurückliegenden Hygienemaßnahmen entlang der gesamten Lebensmittelkette und beginnen bereits in der Primärproduktion. Die bisherigen Anstrengungen auf den einzelnen Stufen der Lebensmittelkette haben bislang jedoch nicht den erwarteten Erfolg gebracht. Ohne die Hygienemaßnahmen auf den vorangehenden Stufen zu vernachlässigen, kann eine Dekontamination bei der Schlachtung eine sinnvolle zusätzliche hygienische Maßnahme der Lebensmittelunternehmer sein – wenn der Verbraucher einverstanden ist.

2.19 Die im Dunklen sieht man nicht – Konkurrenzflora als Problem der *Campylobacter*-Diagnostik

Kerstin Stingl, Christiane Buhler, Marie-Theres Knüver, Petra Vogt, Lüppo Ellerbroek, Bernd Appel, Nora-Johanna Krüger
Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit, Nationales Referenzlabor für *Campylobacter*, Berlin

Hintergrund und Fragestellung

Seit 2006 wird *Campylobacter* gemäß der ISO 10272 qualitativ und quantitativ nachgewiesen. Das Prinzip der Anreicherung bzw. Selektion basiert auf der intrinsischen Resistenz von *Campylobacter* gegenüber verschiedenen Antibiotika, u.a. Cefoperazon, einem Cephalosporin-Antibiotikum der dritten Generation. Das Aufkommen ESBL-produzierender Begleitflora erschwert die Detektion von *Campylobacter* und erfordert eine Modifikation der Diagnostik.

Die quantitative *Campylobacter*-Detektion ist zudem durch das anspruchsvolle Wachstum des wirtsadaptierten Keims in In-vitro-Medien generell und insbesondere nach Stresseinwirkung erschwert. Die Anzahl anzüchtbarer *Campylobacter* (KbE) spiegelt daher oft nur unzureichend das tatsächliche Risiko von Lebensmitteln, eine *Campylobacter*iose hervorzurufen, wider.

Ergebnisse

Entlang der Lebensmittelkette – Primärproduktion, Schlachthof, Supermarkt – besitzt *Campylobacter* unterschiedliche physiologische Eigenschaften. Diese müssen bei der Auswahl der jeweilig passenden Detektionsmethode berücksichtigt werden. In diesem Zusammenhang wird auch die modifizierte ISO 10272 diskutiert. Zudem sind Real-time-PCR-Methoden in Kombination mit DNA-interkalierenden Farbstoffen, welche die DNA-Amplifikation von toten Bakterien verhindern, prinzipiell geeignet, um eine erhöhte und damit realistische Quantifizierung von lebenden Bakterien zu erreichen.

Die Lebend/tot-Differenzierung mittels interkalierender Farbstoffe basiert auf Unterschieden in der Membranpermeabilität lebender und toter Bakterien. Unsere Untersuchungen zeigten, dass *Campylobacter* Propidiummonoazid (PMA) passiv aus der Zelle ausschließt. Ethidiummonoazid (EMA) hingegen dringt in lebende Zellen ein, insbesondere wenn diese einen (transient) reduzierten Metabolismus aufweisen. Dies führt zu einer signifikanten Unterschätzung lebender *Campylobacter* auf Lebensmitteln, die im Vergleich zu den Laborstämmen unter Laborbedingungen abweichende metabolische Zustände aufweisen können. Für den Erfolg der Methode ist zudem ein möglichst geringes Restsignal toter Zellen und das Mitführen geeigneter Prozesskontrollen wichtig.

Diskussion

Insbesondere bei anspruchsvollen bakteriellen Pathogenen wird es zukünftig für eine verbesserte Risikobewertung notwendig sein, den Informationsgehalt der KbE zu erweitern. Dies könnte durch die Quantifizierung intakter und potenziell infektiöser *Campylobacter* realisiert werden, welche impermeabel für den in DNA interkalierenden Farbstoff PMA sind. Die Entwicklung einer geeigneten internen Prozesskontrolle, die unabhängig von dem Target detektiert werden kann, steht noch aus.

2.20 Staphylokokkentoxine – Das heimliche Gift

A. Fetsch, D. Steege, D. Leiser, B. Kraushaar, A. Johne, Y. Kelner-Burgos, H. Wichmann-Schauer, B. Appel, G. Krause

Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit, NRL für Koagulase-positive Staphylokokken inklusive *Staphylococcus aureus* (NRL-Staph)

Staphylokokken und insbesondere *Staphylococcus (S.) aureus* zählen weltweit zu den bedeutendsten Infektionserregern. Sie können schwerwiegende Haut- und Weichteilinfektionen, Pneumonien und Septikämien hervorrufen. Methicillin-resistente *S. aureus* (MRSA) sind aufgrund ihrer Multiresistenz gegen Antibiotika gefürchtet. Bekannt sind Staphylokokken auch als Besiedler der Haut und Schleimhäute bei Mensch und Tier.

Auch im Zusammenhang mit Lebensmitteln spielen Staphylokokken eine Rolle. Hier sind sie zum einen als lebensmitteltechnologische Komponente z.B. bei der Käseherstellung unverzichtbar. Gleichzeitig sind bestimmte Staphylokokken, die sogenannten Koagulase-positiven Staphylokokken (wie *S. aureus*, *S. hyicus*, *S. intermedius*), in der Lage, ein „heimliches Gift“, die als Superantigene (SAGs) bezeichneten Staphylokokken-Enterotoxine und Enterotoxin-ähnliche SAGs (SE-like), im Lebensmittel zu bilden. Voraussetzung ist, dass sich der Erreger im Lebensmittel ausreichend ($>10^5$ KBE/g bzw. ml) vermehrt hat. Hierfür eignen sich besonders proteinreiche Lebensmittel wie Fleisch, aber auch feine Backwaren, Feinkostsalate und Speiseeis sind als Auslöser für Erkrankungen bekannt. Auch in Milch- und Milchprodukten kann der Erreger vorkommen, da *S. aureus* ein häufiger Mastitis-Erreger beim Rind ist.

Staphylokokken-Enterotoxine (SE) zählen zu den bedeutendsten Agentien, die im Zusammenhang mit Lebensmittel-bedingten Intoxikationen beim Menschen beschrieben werden. SEs stellen eine Gruppe eng verwandter Proteine mit einem Molekulargewicht von circa 25.000 Dalton mit ähnlichen biochemischen und strukturellen Eigenschaften dar. SE sind äußerst hitzestabil und resistent gegenüber proteolytischen Enzymen. Derzeit unterscheidet man 22 verschiedene Toxintypen, die nach dem Alphabet von A bis V bezeichnet werden (nur SEF, ein Toxin, das das Toxic-Shock-Syndrom beim Mensch hervorrufen kann, wird nicht zu den SEs gezählt). Die auch als „klassische“ SEs bezeichneten Toxintypen SE-A bis -E haben nach wie vor die größte Relevanz aus lebensmittelhygienischer Sicht. SEB wird zudem zu den bioterroristischen Agentien der CDC¹-Kategorie II gezählt. SEA und SED werden hingegen epidemiologisch am häufigsten mit Lebensmittelintoxikationen beschrieben.

Kommt es zur oralen Aufnahme ausreichender Mengen von im Lebensmittel präformiert vorkommender SE, kann es kurze Zeit (0,5–6 h) nach dem Verzehr zu gastrointestinalen Symptomen kommen, die typischerweise mit Erbrechen, Übelkeit, Bauchkrämpfen und Durchfall einhergehen. In schwerwiegenden Fällen kann es aufgrund der Superantigen-Wirkung der SEs zu einer überschießenden Antwort des Immunsystems bis hin zur Kreislaufdepression kommen. Etwa 10 % der Betroffenen müssen hospitalisiert werden. Todesfälle werden vereinzelt und i.d.R. bei besonders empfänglichen Personengruppen (Kleinkinder, Schwangere, Personen mit Vorerkrankungen) beschrieben. Entscheidend für den Schweregrad ist auch die Menge des aufgenommenen Toxins. Die erkrankungsauslösende Dosis (ED₅₀) wird für SEB, den stärksten Staphylokokken-Enterotoxin-Typ, mit 0,0004 µg/kg bei Aufnahme als Aerosol angegeben.

Eine Intoxikationserkrankung mit SE ist in der Regel selbstlimitierend und nach kurzer Dauer überstanden, weshalb auch nur selten nach dem „heimlichen“ Gift gesucht wird. Milde Verläufe werden häufig auch nicht in Verbindung mit Lebensmitteln gebracht. SE-Intoxikationen treten allerdings nur selten bei Einzelpersonen auf; ein Zusammenhang mit der Nahrungs-

¹ Centers for Disease Control and Prevention (CDC), Atlanta, USA

aufnahme ist also immer herzustellen, wenn mehrere Personen gleichzeitig betroffen sind (z.B. nach Familienfesten, Kantinenessen oder Restaurantbesuchen).

In Deutschland werden Lebensmittelintoxikationen durch Staphylokokken-Enterotoxine nur relativ selten berichtet. Es ist anzunehmen, dass dieses Krankheitsbild massiv unterdiagnostiziert wird. Das liegt unter anderem daran, dass eine adäquate Diagnostik den Nachweis identischer Klone aus Lebensmitteln und Patienten sowie den sensitiven Toxinnachweis aus dem verdächtigen Lebensmittel voraussetzt. Auch der oftmals leichte Erkrankungsverlauf stellt die Verantwortlichen vor Herausforderungen. Auf der anderen Seite hat die angewendete Analyseverfahren zur Detektion von SE im Lebensmittel einen hohen Einfluss auf die Nachweissensitivität. Derzeit gibt es nur wenige kommerziell erhältliche Testkits, die zumeist auf dem Prinzip eines Enzyme-Linked Immunosorbent Assays (ELISA) basieren und lediglich die SE-Typen A bis E detektieren können. Methode der Wahl ist das auch in der Verordnung (EG) 2073/2005 über mikrobiologische Kriterien aufgeführte Screeningverfahren des Europäischen Gemeinschaftsreferenzlaboratoriums für Koagulase-positive Staphylokokken (ESM version 5), das eine dialytische Aufkonzentrierung der Probe als essentielles Element enthält und derzeit im Rahmen eines CEN/EN/ISO-Mandats in einen Methodenstandard überführt werden soll.

Durch interdisziplinäre Zusammenarbeit verschiedener Fachdisziplinen und den Einsatz hochauflösender Labormethoden lassen sich Ausbrüche mit dem „heimlichen“ Gift aber aufklären, wie am Beispiel von Fallbeschreibungen aufgezeigt wird. Hierbei konnte der Ausbruch auf ein bestimmtes Lebensmittel (Speiseeis bzw. Kartoffelsalat) zurückgeführt werden. Die primäre Kontaminationsquelle blieb in beiden Fällen, wie so häufig, unerkant.

Die aus Patienten und Lebensmitteln gewonnenen *S. aureus* gehören oft klonalen Linien an, die als nasale Besiedler beim Menschen in Deutschland weit verbreitet sind. Der Eintrag durch persistent und/oder transient besiedelte Personen stellt damit ein kontinuierliches potenzielles Kontaminationsrisiko bei der Lebensmittelherstellung, -be- und -verarbeitung dar. Wichtigste Maßnahme zur Prävention einer Intoxikation mit dem „heimlichen“ Gift ist daher auch die Einhaltung von Hygieneregeln, die die Kontamination von Lebensmitteln durch den Menschen verhindern. Ein Eintrag kann aber auch durch eine Zutat erfolgen. Durch die strikte Aufrechterhaltung der Kühlkette lässt sich eine Vermehrung der Staphylokokken im Produkt kontrollieren. So kann das „heimliche“ Gift Staphylokokken-Enterotoxine gar nicht erst entstehen.

2.21 Characterization of porcine and human *Yersinia enterocolitica* biotype 4 isolates

Marianne Schneeberger, Isabelle Brodard, Gudrun Overesch
Vetsuisse Faculty, University of Bern, Institute of Veterinary Bacteriology, Bern, Switzerland

Yersinia enterocolitica (*Y. enterocolitica*) bioserotype 4/O:3 is the most important human pathogenic bioserotype in Europe and the predominant pathogenic bioserotype in slaughter pigs. Although many studies on the virulence of *Y. enterocolitica* strains have revealed a broad spectrum of detectable factors in pigs and humans, an analysis based on a strict comparative approach and serving to verify the virulence capability of porcine *Y. enterocolitica* as a source for human yersiniosis is lacking.

Therefore, in the present study, strains of biotype (BT) 4 isolated from Swiss slaughter pig tonsils and feces and isolates from human clinical cases were compared in terms of their spectrum of virulence-associated genes (*yadA*, *virF*, *ail*, *inv*, *rovA*, *ymoA*, *ystA*, *ystB* and *myfA*).

All analyzed BT 4 strains showed a nearly similar pattern, comprising the known fundamental virulence-associated genes *yadA*, *virF*, *ail*, *inv*, *rovA*, *ymoA*, *ystA* and *myfA*. Only *ystB* was not detectable among all analyzed isolates. Importantly, neither the source of the isolates (porcine tonsils and feces, humans) nor the serotype (ST) had any influence on the gene pattern. From these findings, it may be concluded that all porcine BT 4 strains possess all relevant virulence genes necessary for human infection.

The results demonstrated that *Y. enterocolitica* BT 4 isolates from porcine tonsils, as well as from feces, show the same virulence-associated gene pattern and resistance properties as human isolates from clinical cases, confirming the etiological role of porcine BT 4 in human yersiniosis. Thus, cross-contamination of carcasses and organs at slaughter with porcine *Y. enterocolitica* BT 4 strains, either from tonsils or feces, must be prevented to reduce human yersiniosis.

2.22 Fluoreszenz-in-situ-Hybridisierung (FISH) zum Erregernachweis in Lebensmitteln

Alexander Rohde, Jens Andre Hammerl, Bernd Appel, Ralf Dieckmann, Sascha Al Dahouk
Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit, Berlin

Die Detektion von bakteriellen Krankheitserregern in Lebensmitteln erfolgt für gewöhnlich durch die gut etablierten, amtlich geregelten kulturellen Nachweismethoden, die aber aufgrund ihres Arbeitsaufwandes und des zeitlichen Umfangs keine zeitnahe Risikobewertung erlauben. Zunehmend gewinnen schnellere molekulare Methoden wie die PCR an Bedeutung, die nur bedingt zwischen toten und lebenden Bakterien differenzieren können. Die Fluoreszenz-*in-situ*-Hybridisierung (FISH) kombiniert die Vorteile der schnellen, molekularen Diagnostik mit dem Lebendnachweispotenzial der kulturellen Methoden. In der FISH-Prozedur werden die ribosomalen RNAs in Bakterienzellen angefärbt. Ribosomen als Ort der Proteinbiosynthese sind eine integrale Voraussetzung für die Lebensfähigkeit einer Zelle; ihre Abwesenheit ist gleichbedeutend mit totem Zellmaterial. Ribosomale RNAs eignen sich daher als gute Lebend/Tot-Indikatoren (im Gegensatz zur sehr viel stabileren DNA) und besitzen zusätzliche Vorteile wie eine hohe Kopienzahl und die speziesspezifische Sequenzvariabilität. Besonders in bakteriellen Mischkulturen, in denen ein langsam wachsendes pathogenes Bakterium schnell von der Begleitflora überwachsen werden kann und dadurch ein kultureller Nachweis erschwert wird, zeigt sich die Stärke dieser Einzelzellanalyse. Darüber hinaus ist auch die Detektion von lebensfähigen, aber nicht kultivierbaren Erregern (VBNC) mittels FISH möglich; ein wichtiger Vorteil gegenüber den herkömmlichen Kultivierungsmethoden, die auf replizierende Zellen angewiesen sind.

Für den spezifischen Nachweis von Pathogenen werden fluoreszenzmarkierte Oligonukleotide, sogenannte Sonden, eingesetzt, die an Regionen der 16S oder 23S rRNA binden, die für die jeweilige Zielspezies (oder Gruppe) einzigartig sind. Dieses Prinzip kommt bereits in der medizinischen Diagnostik zur Anwendung und könnte sich auch für den Einsatz in Lebensmitteln eignen. Das Potenzial von FISH wird derzeit innerhalb des Verbundprojektes *Zoonosen und Lebensmittelsicherheit entlang globaler Warenketten (ZooGloW)* näher untersucht. Die Arbeitsschritte einer FISH-Analyse beinhalten die chemische Fixierung und Konservierung einer Probe, die enzymatische oder ethanolvermittelte Permeabilisierung der enthaltenen Zellen, die Inkubation der Proben in einem geeigneten Hybridisierungspuffer mit der spezifischen Sonde und wohl dosierte Waschschrte, um unspezifische Hintergrundsignale zu minimieren und ungebundene Sonden zu entfernen. Die fertigen Präparate können dann mittels eines Fluoreszenzmikroskops ausgewertet und die bakterielle Last quantifiziert werden. Die Spezifität einer FISH-Sonde bzw. der Hybridisierungsreaktion wird durch Abgleich mit einer Auswahl an phylogenetisch eng verwandten Nichtziel-Organismen (*nearest neighbor*) geprüft. Die Effizienz der Bindung einer FISH-Sonde an die Zielorganismen wird zuvor an Reinkulturen getestet und kann bei Bedarf thermodynamisch optimiert werden.

Im Rahmen von *ZooGloW* werden FISH-Nachweise für wichtige Zoonoseerreger wie *Campylobacter*, *Salmonella enterica* oder *Yersinia enterocolitica* entwickelt. Durch die differenzielle Markierung von Sonden mit unterschiedlichen Fluorophoren können mehrere Spezies in einem Ansatz nachgewiesen werden (Multiplex-FISH). Zusätzlich ist die Quantifizierung der gesamten mikrobiellen Flora in einer Probe durch die Verwendung von Universalsonden oder unter Benutzung unspezifischer DNA-Farbstoffen wie DAPI, die keine Lebend/Tot-Differenzierung erlauben, möglich. Die Kombination von Eubakteriensonden, die die meisten Eubakterien erfassen, mit diesen DNA-Farbstoffen erlaubt den Vergleich der Lebendkeimzahl (FISH-gefärbte Zellen) mit der Gesamtbakterienlast (DAPI-gefärbte Zellen).

Für den routinemäßigen Einsatz von FISH in der Lebensmittelhygiene muss das Hybridisierungssignal markierter Zellen zuverlässig von möglichen Hintergrundsignalen der Lebensmittelmatrix unterscheidbar sein. Die in Lebensmitteln enthaltenen fluoreszierenden Bestandteile wie Pigmente, Hämoglobinderivate und Ähnliches können starke, unspezifisch fluoreszieren-

rende Signale hervorrufen. Normalerweise sind diese Signale eher diffus und gut von morphologisch definierten Objekten wie Bakterienzellen zu unterscheiden. Matrixspezifische Aufarbeitungsschritte, die diese Bestandteile weitgehend entfernen, und die Absättigung potenzieller unspezifischer Bindungsstellen mit Blockierreagenzien helfen, diese Effekte zu minimieren.

FISH erlaubt nicht nur die zuverlässige Bestimmung der Bakterienspezies auf Einzelzellebene, sondern ist auch für den Expressionsnachweis bestimmter Virulenzfaktoren und zur Erfassung von Antibiotikaresistenzen, die sich auf Mutationen in den ribosomalen RNAs begründen, geeignet (z.B. als Multiplex-Nachweis in Kombination mit einer speziesspezifischen Sonde). Hochdurchsatzverfahren wie die Durchflusszytometrie verfügen über das Potenzial, FISH zu automatisieren und die Untersuchungskosten pro Probe niedrig zu halten. Die bisherigen Ergebnisse im Projekt *ZooGloW* demonstrierten außerdem die Wichtigkeit der Probenvorbereitung und Probennahme. Grundvoraussetzung für die erfolgreiche FISH-Diagnostik ist dabei immer die Extraktion lebensfähiger Zellen. Matrixspezifische FISH-Verfahren, die an stark verdünnte Proben (Filter-FISH), Oberflächenkontaminationen (Tape-FISH) oder innere mikrobielle Verunreinigungen (Section-FISH) angepasst worden sind, bieten maßgeschneiderte Lösungen für solche Lebensmitteluntersuchungen.

2.23 Lebensmittelbedingte Ausbruchsuntersuchungen in der Ära der Next-Generation-Sequenzierung

Burkhard Malorny

Abteilung Biologische Sicherheit, Fachgruppe Molekulare Mikrobiologie und Genomanalyse, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

Typisierungsmethoden für die Diskriminierung von bakteriellen Isolaten derselben Spezies sind wichtige epidemiologische Werkzeuge für die Kontrolle und Bekämpfung von Infektionen. Die Entwicklung und Etablierung von molekularen Methoden, wie die Pulsfeldgelelektrophorese oder Multilocus-variable-number-tandem-repeats-Analyse (MLVA) zur Subtypisierung von Isolaten, haben im letzten Jahrzehnt besonders im Rahmen von Ausbruchsuntersuchungen einen entscheidenden Beitrag zur Aufklärung von Infektketten geleistet. Durch die Möglichkeiten der molekularen Typisierung stimuliert, wurden auch Europäische Datenbanken und Netzwerke für den Austausch und Vergleich von Isolaten etabliert (z.B. das European Surveillance System TESSy), die länderübergreifende Ausbruchsuntersuchungen ermöglichen.

Mit dem Aufkommen der Hochdurchsatz-DNA-Sequenzierung in Form von Nächste-Generation-Sequenzier (NGS)-Geräten für Diagnostiklabore scheinen sich nochmals Vorteile bei ihrer Anwendung in Ausbruchsuntersuchungen zu ergeben. Die Machbarkeit und das Potenzial von NGS für die Charakterisierung von bakteriellen Isolaten wurden bereits im Rahmen von Ausbruchsuntersuchungen und der Überwachung gezeigt (Robinson et al., 2013; den Bakker et al., 2014; Joensen et al., 2014). Durch ihre Fähigkeit, die DNA Sequenz eines Isolats ultimativ aufzulösen, erreicht man maximalen Informationsgehalt. Taxonomische Eigenschaften bis zu Feindifferenzierung auf Isolatebene und deren Virulenz- und Resistenzdeterminanten können in einem Experiment abgerufen werden (Leopold et al., 2014). Daraus können sich nicht zuletzt konsolidierte, preiswertere und schnellere Abläufe im Labor für die Untersuchung der Isolate ergeben. Eine Vielzahl der existierenden molekularen Typisierungsmethoden, die parallel für die Aufklärung von Ausbrüchen durchgeführt werden, kann durch eine einzige Methode ersetzt werden.

Eine Herausforderung von NGS für die nächsten Jahre ist jedoch die Harmonisierung der Datenerzeugung und -analyse einschließlich ihrer Interpretation. Die Vergleichbarkeit der Ergebnisse und ein sicherer Zugang werden daher weltweit in verschiedenen Initiativen diskutiert. Global Microbial Identifier (<http://www.globalmicrobialidentifier.org/About-GMI>) hat z.B. zum Ziel, ein globales System von DNA-Genom-Datenbanken für die Identifikation und Diagnose von mikrobiellen Infektionskrankheiten auf Basis von NGS aufzubauen. Von einem solchen System würden Ärzte, Tierärzte, Epidemiologen usw. sowie politische Entscheidungsträger wie Behörden und die Industrie profitieren. Durch den Zugriff auf diese globale Ressource wird eine professionelle Antwort auf Gesundheitsgefahren innerhalb der Reichweite von allen Ländern mit grundlegender Laborinfrastruktur gegeben. Bioinformatische Lösungen werden hier eine zentrale Rolle zur Bewältigung der großen Datenmengen und ihrer Analyse spielen. Auch das Europäische Zentrum für die Prävention und die Kontrolle von Krankheiten (ECDC) und die Europäische Lebensmittelbehörde (EFSA) formulierten die Vision, eine Datenbank für effizientere Ausbruchsuntersuchungen zu etablieren bzw. existierende Datenbanken zu vernetzen (ECDC, 2014; EFSA, 2013; EFSA, 2014a). Sie schlagen für Europa ein gemeinsames Komitee der EFSA, ECDC und EU-Referenzlaboratorien vor, welches interdisziplinär den Aufbau eines Überwachungssystems auf Basis von molekularbiologischen Methoden (mit Fokus auf NGS) unter Einbindung von internationalen Experten empfiehlt und so die „One-Health“-Strategie fördert (EFSA, 2014b). Ziel ist es, eine weltweite integrierte Überwachung von Infektionserregern mit einer Risikoeinschätzung ihres epidemiologischen und pathogenen Potenzials aufzubauen.

Infolge der Aktivitäten nimmt die Zahl von internationalen Projekten und Konferenzen zur Nutzung und Anwendung von NGS im Rahmen der Aufgaben des öffentlichen Gesundheitswesens und der Überwachungsprogramme bei Tieren, Lebensmitteln und Futtermitteln bedeutend zu. Einen Überblick darüber bietet der Bericht zum „International Meeting on Microbial Epidemiological Markers (IMMEM-10)“, das alle drei Jahre unter dem Dach der Europäischen Gesellschaft für klinische Mikrobiologie und Infektionskrankheiten (ESCMID) stattfindet (Brisse et al., 2014). NGS-Netzwerke auf dem Gebiet haben sich bereits in Großbritannien (Genome England), Kanada (Genome Canada), Dänemark (Center for Genomic Epidemiology) und den USA (FDA Genome Trackr Network) gebildet.

Im Vortrag werden die aktuellen Entwicklungen von NGS zur Erkennung von lebensmittelbedingten Ausbrüchen, ihr Einsatz in der Überwachung, das Potenzial in Hinblick auf die Identifizierung und Charakterisierung von Infektionserregern, aber auch die zukünftigen Herausforderungen an diagnostische Labore aufgezeigt.

Literatur

Brisse S, Brehony C, Conceição T, Cubero M, Glasner C, Le Gouil M, Renvoisé A, Sheppard S, Weinert LA (2014) Microbial molecular markers and epidemiological surveillance in the era of high throughput sequencing: an update from the IMMEM-10 conference. *Res Microbiol* 165 (2): 140–153.

Den Bakker HC, Allard MW, Bopp D, Brown EW, Fontana J, Iqbal Z, Kinney A, Limberger R, Musser KA, Shudt M, Strain E, Wiedmann M, Wolfgang WJ (2014) Rapid whole-genome sequencing for surveillance of *Salmonella enterica* serovar Enteritidis. *Emerg Infect Dis* 20 (8): 1306–1314.

ECDC (European Centre for Disease Prevention and Control) (2014) ECDC technical consultation on harnessing genomics for epidemiological surveillance – Meeting report, Paris, 1–2 October 2013. Stockholm: ECDC.

EFSA BIOHAZ Panel (EFSA Panel on Biological Hazards) (2013) Scientific Opinion on the evaluation of molecular typing methods for major food-borne microbiological hazards and their use for attribution modelling, outbreak investigation and scanning surveillance: Part 1 (evaluation of methods and applications). *EFSA Journal* 11 (12): 3502, 84 pp.

EFSA (European Food Safety Authority) Scientific Colloquium no 20, 2014a. Use of whole genome sequencing (WGS) of food-borne pathogens for public health protection. Parma, Italy, 16–17 June 2014.

EFSA BIOHAZ Panel (EFSA Panel on Biological Hazards) (2014b) Scientific Opinion on the evaluation of molecular typing methods for major food-borne microbiological hazards and their use for attribution modelling, outbreak investigation and scanning surveillance: Part 2 (surveillance and data management activities). *EFSA Journal* 12 (7): 3784, 46 pp.

Joensen KG, Scheutz F, Lund O, Hasman H, Kaas RS, Nielsen EM, Aarestrup FM (2014) Real-time whole-genome sequencing for routine typing, surveillance, and outbreak detection of verotoxigenic *Escherichia coli*. *J Clin Microbiol* 52: 1501–1510.

Leopold SR, Goering RV, Witten A, Harmsen D, Mellmann A (2014) Bacterial whole-genome sequencing revisited: Portable, scalable, and standardized analysis for typing and detection of virulence and antibiotic resistance genes. *J Clin Microbiol* 52: 2365–2370.

Robinson ER, Walker TM, Pallen MJ (2013). Genomics and outbreak investigation: from sequence to consequence. *Genome Med* 5: 36.

2.24 Muscheln, Beeren und Co. – Ursachen viraler Lebensmittelinfektionen

Heidi Wichmann-Schauer, Petra Hiller

Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit, Berlin

Lebensmittel als Übertragungsvehikel für Viren erlangen seit Jahren verstärkte Beachtung. Die hohen Meldezahlen zu Norovirus- und Rotavirus-Infektionen sowie der Anstieg der Fallzahlen zu in Deutschland erworbenen Hepatitis-E-Infektionen machen deutlich, wie wichtig die Forschung zum Vorkommen dieser Viren in verschiedenen Lebensmitteln sowie zu Übertragungswegen und Möglichkeiten der Inaktivierung ist. Da jedoch für die meisten Lebensmittelgruppen geeignete Nachweisverfahren fehlen, lässt sich der tatsächliche Anteil lebensmittelbedingter Virusinfektionen noch nicht abschätzen.

Viren gelangen über fäkale Kontamination in Lebensmittel, können sich dort aber nicht vermehren. Insbesondere bei kühlen Lagerbedingungen können sie lange Zeit infektiös bleiben. Meist sind bereits wenige Viruspartikel ausreichend, um eine Erkrankung auszulösen.

In welchen in Europa gehandelten Lebensmitteln besonders häufig Viren detektiert werden, zeigen die Meldungen im europäischen Schnellwarnsystem für Lebensmittel und Futtermittel (RASFF). Zwischen dem 1. Januar 2012 und dem 31. August 2014 betrafen 87 RASFF-Meldungen Detektionen von Noroviren in Lebensmitteln oder lebensmittelbedingte Norovirus-Ausbrüche. Davon bezogen sich 78 RASFF-Meldungen auf Chargen von Muscheln inklusive Austern, wovon einige im Zuge der Verarbeitung bereits einem Erhitzungsverfahren unterzogen worden waren. Die anderen Norovirus-Meldungen betrafen gefrorene Beeren. 20 RASFF-Meldungen wurden anlässlich des Vorkommens von Hepatitis-A-Viren (HAV) in Lebensmitteln verfasst, davon 16 Meldungen in Chargen von gefrorenen Beeren oder Beerenmischungen. Jeweils eine RASFF-Meldung wurde anlässlich der Detektion von HAV in Beerenorte, Datteln, Eisbergsalat und Muscheln erstellt.

Daten zu lebensmittelbedingten Ausbrüchen belegen, dass Viren auch über Lebensmittel auf den Menschen übertragbar sind. Im Zeitraum 2009 bis 2012 wurden insgesamt 320 der an die Europäische Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) berichteten lebensmittelbedingten Ausbrüche mit hoher Evidenz durch Viren verursacht, davon 311 durch Noroviren. Ein lebensmittelbedingter Ausbruch hat nach Definition der EFSA dann eine hohe Evidenz, wenn aufgrund der Ergebnisse mikrobiologischer und/oder epidemiologischer Untersuchungen mit hoher Wahrscheinlichkeit ein Zusammenhang zwischen dem identifizierten Lebensmittel und der diagnostizierten Erkrankung festgestellt wurde. Zu jedem einzelnen Ausbruch mit hoher Evidenz sind detaillierte Informationen über die Lebensmittel sowie weitere Ergebnisse der Ausbruchsuntersuchung an die EFSA zu übermitteln. Deutschland hat für die Jahre 2009 bis 2013 Daten zu insgesamt 26 viralen Ausbrüchen mit hoher Evidenz an die EFSA übermittelt. Auch diese Ausbrüche wurden fast ausschließlich durch Noroviren verursacht (n=24).

Bei der Datenübermittlung an die EFSA müssen die identifizierten Ausbruchsvehikel bestimmten Lebensmittelkategorien zugeordnet werden. Gemäß Berichten der EFSA wurden im Zeitraum 2009 bis 2012 Norovirus-Ausbrüche in Europa häufig durch den Verzehr von zusammengesetzten Lebensmitteln und Buffetspeisen verursacht (34,4 %), gefolgt von Krusten- und Schalentieren (18 %), Früchten und Beeren bzw. Erzeugnissen daraus (15,4 %) sowie Gemüse und Gemüseprodukten (15,1 %). Hingegen waren Schweinefleisch und Schweinefleischprodukte in Europa mit 1,3 % der Vehikel von geringerer Bedeutung.

Die für diesen Zeitraum von der EFSA erfassten Daten zu Norovirus-Ausbrüchen wurden jedoch von zwei Ereignissen beeinflusst, die Anfang 2010 in Europa zu zahlreichen Erkrankungsclustern geführt hatten. 21 Ausbruchscluster mit 405 gemeldeten Fällen ereigneten sich in Dänemark, nachdem kontaminierte Salatblätter (Lollo bionda) aus Frankreich in Dänemark von Catering-Unternehmen zur Herstellung von Sandwiches verwendet worden wa-

ren. Insgesamt 65 Ausbruchcluster mit 334 gemeldeten Fällen in Norwegen, Schweden, Dänemark, Frankreich und UK traten nach Verzehr von rohen Austern in diversen Restaurants auf.

Im Vergleich zu den von der EFSA für Europa erfassten Daten hatten in Deutschland zusammengesetzte Lebensmittel und Buffetspeisen, Gemüse und Gemüseprodukte sowie Schweinefleisch und Schweinefleischprodukte eine noch größere Bedeutung als Überträger von Noroviren. Im Zeitraum 2009 bis 2013 gehörten 50 % der Ausbruchsvehikel von Lebensmittelbedingten Norovirus-Ausbrüchen in die Kategorie „Mixed food and buffet meals“, 37,5 % in die Kategorie „Vegetables and juices and other products thereof“ und 8,3 % in die Kategorie „Pig meat and products thereof“. Die Kategorie „Fruit, berries and juices and other products thereof“ hatte mit 4,2 % der Vehikel in Deutschland eine geringere Bedeutung. Norovirus-Ausbrüche durch Krusten- und Schalentiere wurden in Deutschland gar nicht erfasst.

Die von den Veterinär- und Lebensmittelüberwachungsbehörden der Länder auf der Grundlage der AVV Zoonosen Lebensmittelkette übermittelten Daten zeigen, dass die an das BfR gemeldeten Norovirus-Ausbrüche mit hoher Evidenz häufig durch Lebensmittel ausgelöst wurden, die in der Gastronomie oder Gemeinschaftsverpflegung zubereitet und ausgegeben wurden. Daten zu untersuchten Proben belegen, dass Noroviren auch durch erhitzte Lebensmittel übertragbar sind, beispielsweise durch gekochtes Gemüse, Blätterteigtaschen oder Eintöpfe. Die erhitzten Lebensmittel könnten durch Ausscheider nachträglich kontaminiert worden sein. Nach Angaben der Einsender hat eine Handhabung der Lebensmittel durch infizierte Personen bei 17 der 26 viralen Ausbrüche mit hoher Evidenz wesentlich zum Ausbruch beigetragen. Im Einzelfall könnten auch eine Kreuzkontamination oder eine unzureichende Erhitzung der Speisen zu Ausbruchsgeschehen geführt haben.

Um das Risiko viraler Lebensmittelinfektionen zu minimieren, muss ein Kontakt von Lebensmitteln mit menschlichen Ausscheidungen durch Verwendung von sauberem Wasser und durch strikte Personalhygiene bei der Gewinnung und Verarbeitung von Lebensmitteln verhindert werden. Darüber hinaus sollten Eigenkontrollen sicherstellen, dass die betrieblichen Regeln eingehalten werden.

Eine weitere wichtige Präventionsmaßnahme ist die Aufklärung der Bevölkerung über den sachgerechten Umgang mit Lebensmitteln und die Möglichkeiten, sich vor Lebensmittelinfektionen zu schützen. Insbesondere Personen, die aufgrund ihres sehr jungen oder hohen Alters oder aufgrund von Vorerkrankungen bei Norovirus- oder HAV-Infektionen besonders gefährdet sind, sollten auf den Rohverzehr von Austern verzichten und andere Muscheln und gefrorene Beeren vor dem Verzehr gründlich durchkochen. Ein Merkblatt mit Verbrauchertipps zum Schutz vor viralen Lebensmittelinfektionen steht auf der Internetseite des BfR im Bereich Publikationen kostenlos zum Herunterladen zur Verfügung und kann dort auch über die Warenkorbfunktion bestellt werden.

2.25 Noroviren – keine Eintagsfliege auf Erdbeeren

Marina Höhne

Konsiliarlabor für Noroviren, Robert Koch-Institut, Berlin

Akute Gastroenteritiden gehören zu den häufigsten Erkrankungen beim Menschen. Eine herausragende Rolle spielen dabei Infektionen durch Noroviren, wobei sowohl Erwachsene als auch Kinder betroffen sein können. Schätzungen gehen davon aus, dass weltweit etwa die Hälfte aller Gastroenteritis-Ausbrüche durch Noroviren verursacht wird. Norovirus-Ausbrüche kommen das ganze Jahr über vor, eine deutliche Zunahme der Aktivität ist in den Monaten November bis April zu verzeichnen. Die Viren sind hoch kontagiös, weniger als 100 Viruspartikel reichen für eine Infektion aus. Die Übertragung erfolgt fäkal-oral, durch Weitergabe von Mensch-zu-Mensch, z.B. durch orale Aufnahme virushaltiger Tröpfchen, die im Rahmen des schwallartigen Erbrechens entstehen. Sie können aber auch durch kontaminierte Lebensmittel oder Flüssigkeiten oder durch Kontakt zu verunreinigten Oberflächen ausgelöst werden. Durch Nichteinhalten von Hygieneregeln können Lebensmittel auch schon während des Herstellungs- und Verteilungsprozesses (z.B. Feldgemüse durch Virusverunreinigte Bewässerungen, durch erkrankte Erntehelfer oder Lebensmittelhändler/Caterer) mit Noroviren verunreinigt werden.

Ein Beispiel für einen solchen Ausbruch ereignete sich im Herbst 2012 in fünf Bundesländern (Brandenburg, Berlin, Sachsen, Sachsen-Anhalt und Thüringen). Bei diesem in Deutschland bislang größten bekannten lebensmittelbedingten Ausbruch, der durch Norovirus-kontaminierte Tiefkühlerdbeeren ausgelöst wurde, traten etwa 11.000 Erkrankungsfälle überwiegend in Kindereinrichtungen auf. Die Beeren waren nach Deutschland importiert und über Cateringunternehmen an die verschiedenen Einrichtungen ausgeliefert worden. Die molekular-epidemiologische Untersuchung von Stuhlproben Betroffener ergab, dass mindestens acht verschiedene Norovirus-Genotypen beteiligt waren, von denen auch einige in der betroffenen Erdbeercharge gefunden werden konnten. Dies könnte für eine fäkale Kontamination z.B. im Herstellungsprozess der Tiefkühlerdbeeren sprechen.

Noroviren zeichnen sich durch eine große genetische Variabilität aus. Inzwischen sind mehr als 30 verschiedene Genotypen aus drei Genogruppen (GI, GII, GIV) beim Menschen gefunden worden. Viren der Genogruppen I und II sind weltweit am häufigsten bei Gastroenteritis-Patienten nachweisbar. Nach einer durchgemachten Norovirusinfektion besteht wahrscheinlich nur für wenige Monate ein Immunschutz vor weiteren Infektionen mit dem gleichen Genotyp und kaum Kreuzimmunität zu anderen Genotypen. Obwohl bei nahezu jedem Erwachsenen Norovirus-Antikörper zu finden sind, konnte bisher kein Langzeitschutz nachgewiesen werden. Besonders der Genotyp II.4, der weltweit für 60 bis 80 % aller Norovirusinfektionen verantwortlich ist, unterliegt einer ausgeprägten Evolution seines Kapsidproteins. Seit 1996 konnten weltweit bisher zehn neue Varianten des Genotyps II.4 beobachtet werden, die etwa alle zwei bis drei Jahre erscheinen und die Variante der Vorjahre vollständig verdrängen (epochale Evolution), was in der Regel weltweit zu verstärkten Norovirus-Aktivitäten führt. Die jüngste Variante, genannt II.4 Sydney 2012, wurde im März 2012 in Australien erstmals beschrieben und war bereits im November 2012 für einen Großteil der Norovirus-Fälle in Europa und den USA verantwortlich. Für die ausgeprägte Variabilität der Noroviren spielt neben der Akkumulation von Mutationen im Virusgenom auch das Auftreten von rekombinanten Viren eine wichtige Rolle. Jüngstes Beispiel ist das Auftreten einer intertypischen Rekombinante in der letzten Wintersaison, bei der das Polymerasegen zur Variante GII.4 New Orleans 2009 und das Kapsidgen zur Variante GII.4 Sidney 2012 gehört.

Auch in Deutschland sind Viren der Genogruppe II (GII) die häufigste Ursache der untersuchten Ausbrüche, obwohl der Anteil an Genogruppe-I-Viren seit 2009/2010 zugenommen hat. Vom Genotyp II.4, dem häufigsten nachweisbaren Genotyp in allen Ausbrüchen, wurden in Deutschland bisher acht der epochal auftretenden Varianten detektiert. Von 2009 bis Ja-

nuar 2014 sank der Anteil an G-II.4-verursachten Gastroenteritis-Ausbrüchen von 69 % im Winter 2009/2010 auf 49 % in der aktuellen Saison (Stand Oktober 2014). Die neue Variante II.4 Sydney 2012 wurde erstmalig im April 2012 in Deutschland nachgewiesen und hat inzwischen die Vorläufervariante II.4 New Orleans 2009 fast vollständig verdrängt. Seit Oktober 2012 konnte auch die neue intratypische Rekombinante GII.4 Sydney 2012/New Orleans 2009 in 55 % (2012/2013) bzw. 32 % (2013/2014) der untersuchten Ausbrüche nachgewiesen werden. Auffällig ist, dass seit 2009/2010 der Anteil an rekombinanten Viren und den Nicht-GII.4-Genotypen GII.7 und GII.2 wieder deutlich zunimmt. Insgesamt lag der Anteil an durch rekombinante Viren verursachten Ausbrüchen zwischen 2009/2010 und 2013/2014 zwischen 11 % und 34 %.

Fazit

Die molekular-epidemiologische Analyse der zirkulierenden Noroviren zeigte, dass der Genotyp II.4 mit vier Varianten auch in Deutschland das prädominante ätiologische Agens zwischen 2009/2010 und Januar 2014 war, dessen Anteil aber zugunsten rekombinanter und Nicht-GII.4-Genotypen immer mehr zurückgedrängt wurde. Das Auftauchen der neuen GII.4-Varianten (Sydney 2012 und die Rekombinante New Orleans 2009/Sydney 2012) hat in Deutschland nicht zu einem außergewöhnlichen Anstieg der Meldezahlen geführt. Die kontinuierliche Analyse der Änderungen im Virusgenom ist eine wichtige Voraussetzung für die Anpassung von Nachweismethoden und für eine mögliche Vakzineentwicklung.

2.26 Hepatitis E – Eine neue Lebensmittel-übertragene Zoonose in Deutschland?

Reimar Johne

Bundesinstitut für Risikobewertung, Fachgruppe Lebensmittelhygiene und –virologie, Berlin

Infektionen mit dem Hepatitis-E-Virus (HEV) können beim Menschen zu einer akuten Leberentzündung führen. Hepatitis-E-Erkrankungen werden in Deutschland in den letzten Jahren zunehmend beobachtet; für das Jahr 2013 wurden insgesamt 458 Erkrankungsfälle offiziell gemeldet. Noch vor Kurzem wurde davon ausgegangen, dass die Erkrankungen hauptsächlich auf Ansteckungen in endemischen Ländern Afrikas und Asiens zurückzuführen sind. In diesen Ländern wird das HEV durch mangelnde Hygiene über kontaminiertes Trinkwasser übertragen, was zu großen Krankheitsausbrüchen führen kann. Neuere Untersuchungen zeigen allerdings, dass die Mehrzahl der in Deutschland auftretenden Hepatitis-E-Fälle nicht durch Reisen in die endemischen Gebiete erklärt werden kann.

Durch den Nachweis der HEV-Genotypen 3 und 4 in Schweinen und Wildschweinen trat die Hypothese einer zoonotischen Übertragung des Virus von Tieren auf den Menschen in den Vordergrund. Auch in Deutschland wurde eine weite Verbreitung von HEV-Genotyp-3-Stämmen in klinisch gesunden Schweinen und Wildschweinen nachgewiesen. Einige der Virus-Stämme sind eng verwandt mit HEV-Stämmen von humanen Hepatitis-E-Fällen. Deshalb wird eine direkte oder indirekte Übertragung des HEV aus diesen Reservoir-Tieren auf den Menschen angenommen. Einer dieser Wege könnte die Übertragung über Fleisch und Fleischprodukte aus infizierten Schweinen oder Wildschweinen darstellen.

Der Vortrag soll neben einer Übersicht über die Epidemiologie von HEV neue Entwicklungen sowie Probleme bei der Forschung an diesem Virus ansprechen. Für die Untersuchungen zum Übertragungsweg des HEV über Lebensmittel werden derzeit in unserer Arbeitsgruppe Nachweissysteme für dieses Virus in Fleischprodukten entwickelt. Zur Testung der Infektiosität des Virus in den jeweiligen Lebensmitteln sind allerdings effiziente Zellkultur-Systeme Voraussetzung. Nachdem Versuche zur Anzüchtung von HEV in der Zellkultur lange Zeit erfolglos geblieben waren, gelang es unserer und einer amerikanischen Arbeitsgruppe kürzlich, spezielle HEV-Stämme aus chronisch infizierten Patienten zu isolieren. Die Zellkulturen lassen sich reproduzierbar mit diesen Stämmen infizieren, wenngleich die Effizienz der Infektion noch gering ist und weiter optimiert werden muss.

Zusammenfassend lässt sich schlussfolgern, dass ein Übertragungsweg von HEV über Lebensmittel, die aus infizierten Schweinen oder Wildschweinen hergestellt wurden, wahrscheinlich ist. Zur genauen Abschätzung des Risikos der HEV-Übertragung durch Lebensmittel sowie zur Erarbeitung spezieller Empfehlungen für den Umgang mit diesen Lebensmitteln sind allerdings weitere Untersuchungen notwendig.

2.27 Trichinellose – eine vergessene Zoonose?

Karsten Nöckler, Sabine Reckinger, Anne Mayer-Scholl
Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit, Berlin

Die Trichinellose ist eine bedeutende Zoonose, die durch Nematoden der Gattung *Trichinella* verursacht wird. Der Mensch infiziert sich durch den Verzehr von nicht ausreichend behandeltem Fleisch oder daraus hergestellten Produkten (z.B. Rohwurst), die infektiöse Trichinellen enthalten.

Nach den Ergebnissen der amtlichen Fleischuntersuchung in Deutschland ist das Risiko einer *Trichinella*-Infektion beim Hausschwein vernachlässigbar. Von den in den letzten zehn Jahren ca. 500 Mio. in Deutschland untersuchten Schlachtschweinen waren lediglich sieben Tiere *Trichinella*-positiv (Prävalenz $1,4 \times 10^{-6}$). Die betroffenen Schweine stammten ausschließlich aus privaten Haltungen mit nicht kontrollierten Haltungsbedingungen. Alle bisher in Deutschland untersuchten Schlachtpferde waren *Trichinella*-negativ.

Im Gegensatz zum domestischen Zyklus ist *Trichinella* im sylvatischen Zyklus Deutschlands endemisch. Im Zeitraum 2002–2013 wurden dem Nationale Referenzlabor für Trichinellose Isolate von Wildschwein (92), Marderhund (36), Fuchs (30), Wolf (2) und Dachs (1) übersandt. Nach dem Ergebnis der Artenbestimmung mit der Multiplex-PCR wurde am häufigsten *T. spiralis*, gefolgt von *T. pseudospiralis*, *T. britovi* und *T. nativa* nachgewiesen. Dabei zeigt sich eine deutliche Häufung der *Trichinella*-Funde im Nordosten Deutschlands, insbesondere an der Grenze zum Nachbarland Polen.

Die Trichinellose ist meldepflichtig in Deutschland. Nach den vom Robert Koch-Institut erhobenen Daten wurden von 2001–2013 insgesamt 79 humane Fälle (Durchschnitt: 6,1 Fälle; Median: 3 Fälle pro Jahr) erfasst. Die Mehrheit dieser gemeldeten Fälle stand in Zusammenhang mit sog. „importierten Erkrankungen“ aus Regionen (z.B. Rumänien, Bulgarien, Serbien), wo die Trichinellose noch ein Problem für die öffentliche Gesundheit darstellt. In den letzten Jahren kam es in Deutschland auch zu autochthon bedingten Trichinellose-Ausbrüchen. Im Jahr 2006 erkrankten 16 Personen in Mecklenburg-Vorpommern an Trichinellose nach dem Verzehr von aus Schweinefleisch hergestellten Produkten (Rohwurst und -schinken) und im Jahr 2013 waren aus Wildschweinfleisch hergestellte Rohwürste Ursache eines Trichinellose-Ausbruches mit 14 Krankheitsfällen in Sachsen.

Wie die Daten zeigen, ist die Trichinellose eine in Deutschland selten auftretende Zoonose. Dennoch kann es zur Exposition des Verbrauchers sowohl durch Fleischprodukte aus dem Ausland als auch durch einheimisches Schweine- oder Wildschweinfleisch kommen. Aus diesem Grund muss das Fleisch der relevanten Tierarten (insbesondere Schweine aus nicht kontrollierten Haltungen und Wildschweine) lückenlos auf Trichinellen untersucht werden. Die Verbraucher sollten über das Risiko des Verzehrs von aus Fleisch hergestellten Rohprodukten aufgeklärt werden. Außerdem sollten die Ärzte über Ursache und Wesen dieser seltenen Erkrankung informiert sein, um die Trichinellose frühzeitig zu diagnostizieren und wirksam behandeln zu können.