Bundesinstitut für Risikobewertung

Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2016

Impressum

BfR Wissenschaft

M. Hartung, K. Alt, A. Käsbohrer, B.-A. Tenhagen

Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2016

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

V.i.S.d.P: Suzan Fiack

Berlin 2019 (BfR-Wissenschaft 02/2019)
231 Seiten, 37 Abbildungen, 86 Tabellen
€ 15,-

Druck: Inhalt und buchbinderische Verarbeitung
BfR-Hausdruckerei

ISBN 978-3-943963-94-6
ISSN 1614-3795 (print) 1614-3841 (online)

DOI 10.17590/20190326-112654

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

Inhalt

1 Zusammenfassung 7

1.1 Salmonellen 7
1.2 Campylobacter 8
1.3 Shigatoxin-/verotoxinbildende E. coli (STEC/VTEC) 9
1.4 Yersinia enterocolitica 9
1.5 Listeria monocytogenes 10
1.6 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA) 10

2 Einleitung 13

3 Methoden der Datenerhebung und Berichterstattung 15

3.1 Prinzipielle Erfassungs-, Überwachungs- und Untersuchungssysteme in Deutschland 15
3.2 Zoonosen-Monitoring 16
3.2.1 Rechtliche Grundlagen und generelle Ziele 16
3.2.2 Organisation und Durchführung 16
3.2.3 Zoonosen-Stichprobenplan 2016 17
3.3 *Salmonella*-Bekämpfungsprogramme nach VO (EG) Nr. 2160/2003 20
3.4 Erhebung der Ergebnisse von Untersuchungen auf Zoonosenerreger bei der Lebensmittelüberwachung und bei diagnostischen Untersuchungen von Tieren, Futtermitteln und Umweltproben in den Ländern 20
3.4.1 Methoden für die Erhebung 20
3.4.2 Auswertung der Daten 21
3.4.3 Präsentation der Daten 21
3.5 Literatur 22

4 Ergebnisse einschließlich Bewertung 23

4.1 Salmonella 23
4.1.1 Einleitung 23
4.1.2 Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016 25
4.1.3 Mitteilungen der Länder über die Ergebnisse der Untersuchung von Lebensmitteln 27
4.1.4 Beziehungen zwischen der Exposition des Menschen mit *S*. Enteritidis über unterschiedliche Lebensmittel und dem Vorkommen von Infektionen mit *S*. Enteritidis beim Menschen in Deutschland (Expositions-Trendanalyse) 33
4.1.5 Beziehungen zwischen der Exposition des Menschen mit *S*. Typhimurium über unterschiedliche Lebensmittel und dem Vorkommen von Infektionen mit *S*. Typhimurium beim Menschen in Deutschland (Expositions-Trendanalyse) 33
4.1.6 Mitteilungen der Länder über die Ergebnisse bei Schlachthofuntersuchungen 36
4.1.7 *Salmonella* spp. bei Tieren 36
4.1.7.1 *Salmonella*-Bekämpfungsprogramme gemäß Verordnung (EG) Nr. 2160/2003 36
4.1.7.1.1 Einleitung 36

4.1.7.1.2	Rechtsgrundlage für die Berichterstattung	37
4.1.7.1.3	Ergebnisse	37
4.1.7.1.3.1	Salmonellen-Bekämpfungsprogramm beim Zuchtgeflügel (*Gallus gallus*)	37
4.1.7.1.3.2	*Salmonella*-Bekämpfungsprogramm bei Legehennen	39
4.1.7.1.3.3	*Salmonella*-Bekämpfungsprogramm bei Masthähnchen	41
4.1.7.1.3.4	*Salmonella*-Bekämpfungsprogramm bei Zuchtputen	42
4.1.7.1.3.5	*Salmonella*-Bekämpfungsprogramm bei Mastputen	42
4.1.7.1.4	Zusammenfassung *Salmonella*-Bekämpfungsprogramme beim Geflügel	43
4.1.7.2	Mitteilungen der Länder über *Salmonella*-Nachweise bei Tieren in Deutschland	44
4.1.7.2.1	Geflügel	44
4.1.7.2.2	Säuger-Nutztiere und andere Tierarten	45
4.1.8	Mitteilungen der Länder über *Salmonella*-Nachweise bei Futtermitteln in Deutschland	46
4.1.8.1	Inland und Binnenmarkt	46
4.1.8.2	Importe aus Drittländern	47
4.1.9	Mitteilungen der Länder über *Salmonella*-Nachweise aus der Umwelt in Deutschland	51
4.1.10	Übergreifende Betrachtung	51
4.1.11	Literatur	52
4.1.12	Datentabellen zu den Mitteilungen der Länder über *Salmonella*-Nachweise bei Lebensmitteln, Tieren, Futtermitteln und Umweltproben in Deutschland	53
4.2	**Campylobacter**	**105**
4.2.1	Einleitung	105
4.2.2	Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016	106
4.2.3	Mitteilungen der Länder über *Campylobacter*-Nachweise bei der Lebensmittelüberwachung in Deutschland	108
4.2.4	Beziehungen zwischen der Exposition des Menschen zu *Campylobacter* spp. über Lebensmittel und dem Vorkommen von Infektionen beim Menschen in Deutschland (Expositions-Trendanalyse)	109
4.2.5	Mitteilungen der Länder über *Campylobacter*-Nachweise bei Tieren in Deutschland	115
4.2.6	Übergreifende Betrachtung	115
4.2.7	Literatur	116
4.2.8	Datentabellen zu den Mitteilungen der Länder über *Campylobacter*-Nachweise	117
4.3	**Shigatoxin-/verotoxinbildende *Escherichia coli***	**127**
4.3.1	Einleitung	127
4.3.2	Untersuchungen in Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016	128
4.3.3	Mitteilungen der Länder über STEC/VTEC-Nachweise bei der Lebensmittel- überwachung in Deutschland	130
4.3.4	Mitteilungen der Länder über STEC/VTEC-Nachweise bei Untersuchungen von Tieren in Deutschland	134
4.3.5	Übergreifende Betrachtung	134
4.3.6	Literatur	135
4.4	**Yersinia enterocolitica**	**145**
4.4.1	Einleitung	145
4.4.2	Mitteilungen der Länder über *Yersinia enterocolitica*-Nachweise bei der Lebensmittelüberwachung in Deutschland	145

4.4.3	Mitteilungen der Länder über *Yersinia enterocolitica*-Nachweise bei Untersuchungen bei Tieren in Deutschland	146
4.4.4	Übergreifende Betrachtung	146
4.4.5	Literatur	147
4.5	**Listeria monocytogenes**	**153**
4.5.1	Einleitung	153
4.5.2	Listeria monocytogenes in Lebensmitteln	154
4.5.2.1	Untersuchungen in Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016	154
4.5.2.2	Mitteilungen der Länder über *Listeria monocytogenes*-Nachweise bei der Lebensmittelüberwachung in Deutschland	155
4.5.3	Listeria monocytogenes bei Tieren	159
4.5.3.1	Mitteilungen der Länder über *Listeria monocytogenes*-Nachweise bei Untersuchungen bei Tieren in Deutschland	159
4.5.4	Übergreifende Betrachtung	159
4.5.5	Literatur	160
4.6	**Mycobacterium**	**175**
4.6.1	Erreger der Tuberkulose – Einleitung	175
4.6.2	Mitteilungen der Länder über Nachweise der Erreger der Tuberkulose bei Untersuchungen bei Tieren in Deutschland	175
4.6.3	Übergreifende Betrachtung – Tuberkulose	175
4.6.4	Paratuberkulose – Einleitung	175
4.6.5	Mitteilungen der Länder über Nachweise der Erreger der Paratuberkulose bei Untersuchungen bei Tieren in Deutschland	176
4.6.6	Übergreifende Betrachtung – Paratuberkulose	176
4.6.7	Literatur	176
4.7	**Brucella**	**182**
4.7.1	Einleitung	182
4.7.2	Brucellose bei Tieren	182
4.7.2.1	Mitteilungen der Länder über *Brucella*-Ergebnisse in Deutschland	182
4.7.3	Übergreifende Betrachtung	183
4.7.4	Literatur	183
4.8	**Chlamydophila**	**187**
4.8.1	Einleitung	187
4.8.2	*Chlamydophila*-Nachweise bei Tieren	187
4.8.2.1	Mitteilungen der Länder über *Chlamydia*-Befunde bei Untersuchungen bei Tieren in Deutschland	187
4.8.3	Übergreifende Betrachtung	188
4.8.4	Literatur	188
4.9	**Coxiella burnetii**	**193**
4.9.1	Einleitung	193
4.9.2	Coxiella burnetii bei Tieren	193
4.9.2.1	Mitteilungen der Länder über *Coxiella burnetii*-Nachweise bei Untersuchungen von Tieren in Deutschland	193
4.9.3	Übergreifende Betrachtung	194
4.9.4	Literatur	194
4.10	**Staphylococcus aureus**	**197**
4.10.1	Einleitung	197
4.10.2	Mitteilungen der Länder über Nachweise von *Staphylococcus*-Enterotoxinen bei der Lebensmittelüberwachung in Deutschland	198
4.10.3	Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* in Lebensmitteln	200
4.10.3.1	Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016	200

4.10.4	Mitteilungen der Länder über Nachweise von Methicillin-resistentem *Staphylococcus aureus* (MRSA) bei der Lebensmittelüberwachung in Deutschland	201
4.10.5	Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* bei Tieren	203
4.10.5.1	Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016	203
4.10.5.2	Mitteilungen der Länder über MRSA bei Tieren	204
4.10.6	Übergreifende Betrachtung	206
4.10.7	Literatur	206
4.11	**Cronobacter**	**209**
4.11.1	Einleitung	209
4.11.2	Mitteilungen der Länder über *Cronobacter*-Nachweise bei der Lebensmittelüberwachung in Deutschland	209
4.11.3	Literatur	209
4.12	**Tollwut-Virus (Lyssavirus)**	**211**
4.12.1	Einleitung	211
4.12.2	Mitteilungen der Länder über Lyssavirus-Nachweise bei Tieren	211
4.12.3	Übergreifende Bewertung	211
4.12.4	Literatur	211
4.13	**West-Nile-Virus**	**213**
4.13.1	Einleitung	213
4.13.2	Mitteilungen der Länder über West-Nile-Virus-Nachweise bei Untersuchungen bei Tieren in Deutschland	213
4.13.3	Literatur	213
4.14	**Trichinella**	**215**
4.14.1	Einleitung	215
4.14.2	Mitteilungen der Länder über *Trichinella*-Nachweise bei Schlachttieruntersuchungen und bei Tieren in Deutschland	215
4.14.3	Literatur	215
4.15	**Toxoplasma**	**219**
4.15.1	Einleitung	219
4.15.2	Mitteilungen der Länder über *Toxoplasma*-Nachweise bei Untersuchungen bei Tieren in Deutschland	219
4.15.3	Übergreifende Betrachtung	220
4.15.4	Literatur	220
4.16	**Echinococcus**	**222**
4.16.1	Einleitung	222
4.16.2	Mitteilungen der Länder über *Echinococcus*-Nachweise bei Tieren in Deutschland	222
4.16.3	Übergreifende Betrachtung	223
4.16.4	Literatur	223

5 Abbildungsverzeichnis 227

6 Tabellenverzeichnis 229

1 Zusammenfassung

1.1 Salmonellen

Die Zahl gemeldeter Salmonellosefälle beim Menschen war in Deutschland auch 2016 rückläufig. Dies galt in Deutschland auch für die durch *S.* Enteritidis und die durch *S.* Typhimurium verursachten Krankheitsfälle, während die Zahl der Erkrankungen durch andere Serovare leicht zunahm (RKI 2017, Abb. 4.1.1). Diese Entwicklung steht im Gegensatz zur Situation in Europa, wo nach Jahren des Rückgangs die Zahl der gemeldeten Fälle humaner Salmonellosen in 2015 und 2016 wieder angestiegen ist (EFSA u. ECDC, 2017). *S.* Typhimurium und *S.* Enteritidis waren nach wie vor die in Deutschland mit Abstand am häufigsten identifizierten Serovare beim Menschen. Für *S*. Infantis wurde ein Anstieg des Anteils (2,9 %) an allen typisierten *Salmonella*-Infektionen beobachtet.

Die gesunkene Anzahl von Salmonellosen des Menschen in den letzten Jahren ging mit einer deutlich verringerten Nachweisrate in Geflügelbeständen und bei Konsumeiern einher. Im Jahr 2016 konnte allerdings, wie schon 2015, gegenüber den Vorjahren keine Reduktion des Anteils positiver Herden mehr beobachtet werden. Einem leichten Rückgang bei den Zuchthühnern und Legehennen steht 2016 ein Anstieg bei Masthähnchen und Puten gegenüber. Der Anteil positiver Herden lag jedoch in allen untersuchten Geflügelpopulationen deutlich unter den Werten, die zu Beginn der *Salmonella*-Bekämpfungsprogramme ermittelt wurden.

Salmonellen kommen nach wie vor auch bei anderen Nutztieren, wie z.B. Rindern und Schweinen, aber auch bei Gänsen und Enten vor. Allerdings erfolgt hier nicht in jedem Jahr eine systematische Erhebung der Prävalenz. Beim Rind wurden 2016 im Vergleich zu 2015 deutlich mehr Ausbrüche der Rindersalmonellose angezeigt.

Wie in den Vorjahren wurden im Geflügelfleisch deutlich häufiger Salmonellen nachgewiesen als im Fleisch anderer Nutztierarten. Dies spiegelte sich in den Mitteilungen der Länder wie auch in den Ergebnissen im Zoonosen-Monitoring zur Kontamination von Hähnchen- und Putenfleisch bzw. Rind- und Schweinefleisch wider. In nur 0,08 % der Planproben von Konsumeiern wurden Salmonellen nachgewiesen und auch in Anlassproben waren Salmonellen sehr selten.

S. Typhimurium dominierte bei Rind- und Schweinefleisch, während bei Hähnchen- und Putenfleisch andere Serovare im Vordergrund standen. Beim Hähnchenfleisch war in den Meldungen der Länder und im Zoonosen-Monitoring *S.* Infantis das häufigste Serovar, gefolgt von *S.* Paratyphi B (var. Java) und *S.* Enteritidis. Bei Putenfleisch war *S.* Paratyphi B (var. Java) das häufigste Serovar in der Überwachung. Im Monitoring dominierte jedoch *S*. Hadar, vor allem auf Schlachtkörpern von Puten.

Pflanzliche Lebensmittel waren nur in Ausnahmefällen positiv für *Salmonella* spp. Vereinzelte *Salmonella*-Befunde gab es im Rahmen der Lebensmittel-Überwachung und im Zoonosen-Monitoring bei Sprossgemüse, Gewürzen und Ölsaaten.

Die *Salmonella*-Belastung bei importiertem Fischmehl hat sich gegenüber dem Vorjahr deutlich verringert. Bei pflanzlichen Futtermitteln, insbesondere Ölsaaten aus dem Inland, konnten wie in den Vorjahren Salmonellen nachgewiesen werden.

Auch Heim-, Wild- und Zootiere kommen als Reservoir für Salmonellen in Betracht. Insbesondere bei Reptilien wurden häufig Salmonellen festgestellt (35,4 %). Auf das von diesen Tieren insbesondere für Kinder ausgehende Risiko ist vom Robert Koch-Institut hingewiesen worden (Rabsch, 2013). Die mögliche Bedeutung von Wildtieren als Reservoir für Nutztiere

zeigte sich bei der Untersuchung von Kotproben von erlegten Wildschweinen, die zu 2,3 % Salmonellen aufwiesen, darunter auch *S*. Enteritidis.

1.2 Campylobacter

Infektionen mit *Campylobacter* spp. stellten 2016 die häufigsten bakteriellen Darmerkrankung über Lebensmittelinfektionen in Deutschland dar (RKI, 2017). Dabei überwog *C. jejuni* als Erreger (72 % der auf Speziesebene identifizierten Infektionen) gegenüber *C. coli* (10 %). Daneben wurden selten auch *C. lari* sowie *C. upsaliensis* für 2016 bei menschlichen Infektionen berichtet (RKI, 2017). Als Infektionsquelle wird vorrangig Geflügelfleisch, insbesondere Masthuhnfleisch, angesehen. Daneben werden aber auch Rinder als Quelle von *Campylobacter* spp. beschrieben (Mughini Gras et al., 2012).

Die Ergebnisse der Untersuchungen von Lebensmitteln und Tieren im Rahmen der amtlichen Überwachung sowie des Zoonosen-Monitorings bestätigen erneut die hohe Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Geflügelfleisch. Die Untersuchungen an Hähnchenschlachtkörpern im Rahmen des Zoonosen-Monitorings zeigen, dass diese deutlich häufiger positiv für *Campylobacter* sind als die Blinddarmproben der entsprechenden Schlachtchargen, was auf eine erhebliche Kreuzkontamination im Schlachtprozess hindeutet.

Bei den *Campylobacter*-Nachweisen dominierte wie in den vergangenen Jahren im Hähnchenfleisch die Spezies *C. jejuni,* während im Putenfleisch auch *C. coli* relativ häufig ist. Die hohe Bedeutung von Geflügelfleisch als Quelle für die Campylobacteriose des Menschen wird auch in diesem Jahr durch die Korrelation zwischen der Exposition gegenüber *Campylobacter*-positivem Geflügelfleisch und den humanen Campylobacteriose-Fällen bestätigt. Die quantitativen Untersuchungen von Hähnchenschlachtkörpern im Zoonosen-Monitoring deuten auf erhebliche Unterschiede zwischen Schlachtchargen hin. Der Anteil von Proben mit einer Belastung von mehr als 10^3 KbE/g lag im Zoonosen-Monitoring bei 24 %. Dieser Wert lag innerhalb des derzeit geltenden Zielwertes für das Prozesshygienekriterium für *Campylobacter* spp. auf Hähnchenschlachtkörpern gemäß VO (EU) Nr. 2017/1495[1] von < 40 %, der aber in den nächsten Jahren auf 30 % (ab 01.01.2020) bzw. 20 % (ab 01.01.2025) gesenkt werden wird.

Im Gegensatz zum Geflügelfleisch wiesen Lebensmittel vom Rind und Schwein geringe Nachweisraten von *Campylobacter* spp. auf, obwohl Untersuchungen von Tieren zeigen, dass *Campylobacter* spp. auch bei Rind und Schwein weit verbreitet ist. Es zeigt sich aber auch, dass Verbraucher über Schweinefleisch gegenüber *Campylobacter* spp. ebenfalls exponiert sind, wenn auch deutlich seltener. Da Schweinefleisch, insbesondere als Hackfleisch, auch roh verzehrt wird, kommt es damit durchaus auch als Quelle für Campylobacteriose-Erkrankungen in Betracht (Siffczyk et al., 2017).

Der Nachweis von *C. jejuni* und *C. coli* bei Hunden und Katzen könnte durch die Verfütterung von rohem Geflügel- oder Schweinefleisch bedingt sein. Auch wird bei Hunden und Katzen die Aufnahme von *Campylobacter* aus der Umwelt bezogen auf *C. jejuni und C. upsaliensis* diskutiert. Neben Lebensmitteln kann auch der direkte Kontakt zu Nutztieren, aber auch zu Heimtieren ein Infektionsweg für den Menschen sein.

1 Commission Regulation (EU) 2017/1495 amending Regulation (EC) No. 2073/2005 as regards *Campylobacter* in broiler carcases. Official Journal of the European Union L 218/1 vom 24.08.2017

1.3 Shigatoxin-/verotoxinbildende E. coli (STEC/VTEC)

Die an das RKI gemeldeten Erkrankungen an enterohämorrhagischen *E. coli* (EHEC) bei Menschen sind 2016 um 12 % auf 1.816 Fälle angestiegen. Die Inzidenz betrug 2,2 Erkrankungen je 100.000 Einwohner. Die zehn am häufigsten berichteten Serotypen waren: O91, Ont, O157, O26, O103, O146, O145, O113, O128 und O55. HUS-Fälle wurden durch O157, O26, O145, O80, O113, O119, O121, O124 und Ont ausgelöst. 2016 wurden vier Todesfälle durch HUS registriert, jeweils ohne Serotyp-Angabe (RKI, 2017).

Nach den Ergebnissen der Länder wird STEC/VTEC bei Rindern im Bestand und in Schlachtkörperproben oder Fleischproben dieser Tiere aus dem Einzelhandel nachgewiesen. Dies betont die Wichtigkeit, Fleisch vor dem Verzehr durchzugaren. Der Nachweis des *eae*-Gens bei einem Teil dieser Isolate unterstreicht die besondere Rolle von Rindern und Rindfleisch als potenzielle Quelle virulenter STEC/VTEC-Stämme (Martin und Beutin, 2011).
Obst und Gemüse werden immer wieder mit EHEC-Erkrankungen in Verbindung gebracht (Davidson et al., 2011; Taylor et al., 2013), auch wenn relativ selten Nachweise auf Obst gelingen (Ontario Ministry of Agriculture and Food and Ministry of Rural Affairs, 2014; Hartung et al., 2016). Auch in einer weiteren kanadischen Studie konnten im Gegensatz zu anderen Früchten und Gemüsen auf Erdbeeren ebenfalls keine STEC/VTEC nachgewiesen werden (Boraychuk et al., 2009).

Von den Serotypen von STEC/VTEC, die beim Menschen 2016 die zehn häufigsten Infektionen erregt hatten, wurden O113 aus Rindfleisch, O146 aus Wildwiederkäuerfleisch und sonstigem Wildfleisch, O128 und O146 aus zerkleinertem Rohfleisch, O113 aus Hackfleisch aus Rindfleisch sowie O91 aus Hackfleischerzeugnissen nachgewiesen.
2016 wurden in tierischen Lebensmitteln bzw. bei Tieren STEC/VTEC-Serogruppen nachgewiesen, die eine Anzahl der an das RKI übermittelten häufigsten Serogruppen aus menschlichen EHEC-Erkrankungen und von HUS-Erkrankungen ausmachten. Dies betont die Bedeutung von Tieren und tierischen Lebensmitteln im Infektionsgeschehen für STEC/VTEC.

1.4 Yersinia enterocolitica

Auch Infektionen mit *Y. enterocolitica* treten beim Menschen häufig auf. Die Zahl der Erkrankungen von Menschen in Deutschland an Yersiniose ist 2016 nach den Angaben des RKI im Vergleich zum Vorjahr um 0,7 % angestiegen auf 2.774 gemeldete Fälle. Nachdem die Zahl gemeldeter Infektionen von 2001 bis 2014 ständig gesunken war, ist dies nun der zweite Anstieg der Meldezahlen nach 2015. Im Vergleich zu den Vorjahren wurden höhere Nachweisraten für *Y. enterocolitica* in Lebensmitteln mitgeteilt. Bei Hackfleisch wurde *Y. enterocolitica* in über 10 % der Proben nachgewiesen. Auch bei Schweinen wurde *Y. enterocolitica* nachgewiesen.

Die beim Menschen 2016 vorkommenden Serogruppen sind der Häufigkeit nach O:3, O:9, O:5, O:8.

O:3 wurde in Sammelmilch sowie bei Schweinen und Hunden nachgewiesen, O:9 wurde von Pferden und Hunden berichtet und es wurde O:5 bei Schweinefleisch und Erzeugnissen daraus sowie bei Sammelmilch und Rohmilch (nicht vom Rind) nachgewiesen. Die Exposition des Verbrauchers mit *Y. enterocolitica* ergab sich somit über direkten Tierkontakt und über Lebensmittel. *Yersinia enterocolitica* ist fähig, bei Kühlschranktemperaturen zu wachsen, und kann sich somit auch in geöffnet aufbewahrten Lebensmitteln im Haushalt vermehren.

1.5 Listeria monocytogenes

Die Zahl der menschlichen Infektionen mit *L. monocytogenes* stieg 2016 um 7 % auf 707 gemeldete Erkrankungen an. Die Inzidenz betrug 0,9 Erkrankungen je 100.000 Einwohner (Abb. 4.5.1). Von den 255 serotypisierten Stämmen von *L. monocytogenes* aus Erkrankungsfällen des Menschen wurden in 125 Fällen *L. monocytogenes* 4b, in 93 Fällen *L. monocytogenes* 1/2a sowie in 37 Fällen *L. monocytogenes* 1/2b isoliert (RKI, 2017).
In einigen Fällen kam es zu klinischen Erkrankungen mit Fieber, einer Sepsis oder Meningitis/Enzephalitis. Ein lebensmittelbedingter Krankheitsausbruch konnte mithilfe der Ganzgenomsequenzierung auf Fleischerzeugnisse aus einem Herstellerbetrieb zurückgeführt werden.

Im Unterschied zur Darstellung der Typisierungsergebnisse für Isolate aus der Humanmedizin wird für Isolate aus Lebensmitteln die molekulare Serogruppierung verwendet (IVb, IIa, IIb). Im Rahmen der amtlichen Lebensmittelüberwachung wurde der Serotyp IIa bei fast allen Lebensmitteln, bei denen die Serotypen bestimmt wurden, isoliert. *L. monocytogenes* IIc wurde bei Fischen und Meerestierene nachgewiesen.

Die Ergebnisse der Überwachung von Tieren bestätigen erneut, dass regelmäßig Nachweise von *L. monocytogenes* bei Rindern geführt wurden. Bei Wiederkäuern ist *L. monocytogenes* der Erreger sporadischer Erkrankungen mit Beteiligung des Zentralnervensystems und des Urogenitaltraktes. *L. monocytogenes* wurde im Rahmen diagnostischer Untersuchungen auch von Lege-/Hühnern berichtet. Vögel werden generell als asymptomatische Träger angesehen.

Die weite Verbreitung von *L. monocytogenes* in Lebensmitteln weist auf eine häufige Exposition des Verbrauchers mit diesem Erreger über Lebensmittel hin. *L. monocytogenes* ist in der Lage, sich auch bei Kühlschranktemperaturen zu vermehren. Schwangere und in ihrer Immunabwehr stark geschwächte Personen sollten zum Schutz vor einer Listeriose verschiedene Lebensmittel wie z.B. rohe Lebensmittel tierischen Ursprungs, Milchprodukte, die aus Rohmilch oder unter Verwendung von Rohmilch hergestellt wurden, sowie geräucherte oder gebeizte Fischereierzeugnisse nicht verzehren, es sei denn, sie wurden direkt vorher auf mindestens 70 °C im Inneren erhitzt (vgl. auch BfR, 2012).

1.6 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)

Beim Menschen gehören MRSA zu den wichtigsten Erregern nosokomialer Infektionen. Infektionen treten vereinzelt aber auch außerhalb von Krankenhäusern auf. Die Nutztier-assoziierten MRSA (LA-MRSA), d.h. insbesondere MRSA, die dem klonalen Komplex CC398 angehören, werden bei beruflich exponierten Personen häufig als Besiedler nachgewiesen, während sie in der Gesamtbevölkerung eher selten zu finden sind. Die Bedeutung von kontaminiertem Fleisch als Quelle humaner Besiedlungen mit MRSA wird weiterhin als sehr gering eingeschätzt.

In Deutschland spielen Infektionen des Menschen mit LA-MRSA nach wie vor eine eher untergeordnete Rolle. Hier dominieren die Krankenhaus-assoziierten Stämme, mit weitem Abstand folgen die außerhalb des Krankenhauses vorkommenden („community acquired“) MRSA. In viehdichten Regionen ist der Anteil der LA-MRSA an Infektionen in Krankenhäusern in den letzten Jahren angestiegen.

Nach derzeitigem Stand der Erkenntnisse ist insbesondere der direkte Kontakt zu besiedelten Nutztieren mit einem erhöhten Risiko einer Kolonisierung des Menschen mit LA-MRSA verbunden. Über Fleisch, insbesondere Geflügelfleisch, gelangen aber regelmäßig MRSA in den Haushalt der Verbraucher. Allerdings scheint dies nur selten zu einer Kolonisierung des

Menschen zu führen, da außerhalb der beruflich exponierten Kreise Nutztier-assoziierte MRSA immer noch selten sind, auch wenn vereinzelt in der Humanmedizin Fälle auftreten, die auf MRSA zurückgehen, die mit solchen aus Lebensmitteln übereinstimmen und bei denen ein Tierkontakt des Erkrankten nicht stattgefunden hat.

Im Zoonosen-Monitoring 2016 wurden MRSA – wie in den vergangenen Jahren – vor allem im Putenfleisch nachgewiesen. Auch in Hähnchenfleisch wurden häufig MRSA nachgewiesen, obwohl der Nachweis in den Hähnchenbeständen nur in seltenen Fällen gelang. Im Rahmen der Überwachung wurden MRSA vor allem auch bei Schweinen, Rindern und Pferden nachgewiesen.

2 Einleitung

Deutschland ist wie die anderen Mitgliedstaaten der Europäischen Union (EU) nach der Richtlinie 2003/99/EG (Zoonosen-Richtlinie) verpflichtet, jährlich einen Bericht über Trends und Quellen von Zoonosenerregern für das zurückliegende Jahr zu erstellen und an die Europäische Kommission und Europäische Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) zu übermitteln.

Basis dieser Berichterstattung sind die jährliche Erhebung über die Ergebnisse der Untersuchungen auf Zoonosenerreger bei den zuständigen Stellen in den Bundesländern, das Zoonosen-Monitoring sowie die *Salmonella*-Bekämpfungsprogramme bei Hühnern und Puten.

Seit 1995 werden von der jetzigen Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“ der Abteilung Biologische Sicherheit am BfR[1] jährlich Erhebungen zu den Ergebnissen der Untersuchungen in den Ländern im Rahmen der Lebensmittelüberwachung, von Tieren, Futtermitteln sowie Umweltproben durchgeführt. Die Mitteilungen der Länder umfassen auch Informationen zu Lebensmitteln, die an Krankheitsausbrüchen beteiligt sein könnten, und Hygieneprüfungen in den Lebensmittel-Betrieben. Die Untersuchungen auf Zoonosenerreger basieren in Deutschland u.a. auf dem Lebensmittel- und Futtermittelgesetzbuch, dem Infektionsschutzgesetz, dem Tiergesundheitsgesetz sowie den aufgrund dieser Gesetze erlassenen Verordnungen.

Seit 2008 werden die Ergebnisse aus den Untersuchungen im Rahmen der *Salmonella*-Bekämpfungsprogramme nach der Verordnung (EG) Nr. 2160/2003 erhoben. Seit 2009 werden darüber hinaus im Rahmen des nationalen Zoonosen-Monitorings gemäß der Allgemeine Verwaltungsvorschrift über die Erfassung, Auswertung und Veröffentlichung von Daten über das Auftreten von Zoonosen und Zoonoseerregern entlang der Lebensmittelkette (AVV Zoonosen Lebensmittelkette) mittels eines jährlich erstellten Stichprobenplans Daten zum Vorkommen von Zoonoseerregern in der Lebensmittelkette gewonnen.

Dieser Bericht ist in Kapitel über die einzelnen Zoonosenerreger unterteilt. In den Erreger-Kapiteln werden die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings und die Mitteilungen der Länder jeweils dargestellt. In Kapitel zu *Salmonella* spp. werden diese Erkenntnisse durch die Daten aus den *Salmonella*-Bekämpfungsprogrammen ergänzt. Die Ergebnisse werden im Vergleich zur Situation im Vorjahr betrachtet und auf die wichtigsten Entwicklungen hin besprochen. Jedes Erreger-Kapitel wird mit einer übergreifenden kurzen Diskussion der Erkenntnisse aus den verschiedenen Erhebungssystemen mit Bezug auf die vom Robert Koch-Institut veröffentlichten Daten zu Erkrankungen des Menschen abgeschlossen. Danach folgen in jedem Kapitel umfangreiche Daten-Tabellen zu den Mitteilungen der Länder.

[1] 1995–2002 als Fachgruppe des BgVV, ab 2003 BfR

3 Methoden der Datenerhebung und Berichterstattung

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“

M. Hartung, B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer

3.1 Prinzipielle Erfassungs-, Überwachungs- und Untersuchungssysteme in Deutschland

Lebensmittel: Aufgrund der Verordnung der Europäischen Gemeinschaft (EG) Nr. 882/2004, Artikel 3 (1) müssen die Mitgliedstaaten sicherstellen, dass regelmäßig auf Risikobasis und mit angemessener Häufigkeit amtliche Kontrollen durchgeführt werden. In Deutschland ist die Wahrnehmung dieser Aufgaben über das Lebensmittel- und Futtermittelgesetzbuch (LFGB) und die AVV Rahmen-Überwachung (AVV RÜb) geregelt.

Schlachthof-Untersuchungen: Bakteriologische Fleischuntersuchungen (BU) werden stichprobenartig sowie bei bestimmten Verdachtsmomenten während der Schlachtung durchgeführt. Die Durchführung der BU ist in der Allgemeinen Verwaltungsvorschrift über die Durchführung der amtlichen Überwachung der Einhaltung von Hygienevorschriften für Lebensmittel tierischen Ursprungs und zum Verfahren zur Prüfung von Leitlinien für eine gute Verfahrenspraxis (AVV LmH, Anlage 4, Kap. 3) geregelt. Die BU wird vom amtlichen Tierarzt auf der Grundlage der Verordnung (EG) Nr. 854/2004, Anh. I, Kap. II, Nr. 2 angeordnet. Nach der Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 werden bei Schweineschlachthälften auf Veranlassung des Lebensmittelunternehmers definierte Beprobungen vorgenommen, deren Ergebnisse der zuständigen Behörde zu melden sind.

Salmonellen-Bekämpfung: Mit der Verordnung (EG) Nr. 2160/2003 wurden die Grundlagen für die Bekämpfung von Salmonellen in verschiedenen Produktionsbereichen gelegt. Hierauf basierend wurden in verschiedenen Verordnungen die Bekämpfungsziele sowie die Durchführung der Überwachungsprogramme festgelegt. Bekämpfungsmaßnahmen sind für Zuchthühner (VO [EU] Nr. 200/2010), für Legehennen (VO [EU] Nr. 517/2011), für Masthähnchen (VO [EU] Nr. 200/2012) sowie für Puten (VO [EU] Nr. 1190/2012) vorgeschrieben.

Zoonosen-Monitoring: Entsprechend der AVV Zoonosen Lebensmittelkette wird der Zoonosen-Stichprobenplan jährlich für das Zoonosen-Monitoring erarbeitet und in den Ländern durchgeführt. Die in den Untersuchungen in Erzeugerbetrieben, Schlachthöfen und im Einzelhandel gewonnenen Isolate werden an die Nationalen Referenzlabore im BfR übersandt und dort weitergehenden Untersuchungen unterzogen. Über die Ergebnisse des Zoonosen-Monitorings berichtet das Bundesamt für Verbraucherschutz (BVL) jährlich. Die wesentlichen Ergebnisse werden im vorliegenden Bericht zusammengefasst.

Tierseuchen: Nach der Verordnung über **anzeigepflichtige Tierseuchen** werden entsprechende Tierseuchen bei Verdacht dem zuständigen Amtstierarzt angezeigt. Die angezeigten Fälle werden in das Tierseuchen-Nachrichten-System (TSN) eingegeben. Die Ergebnisse werden jährlich im Tiergesundheitsjahresbericht vom Friedrich-Loeffler-Institut (FLI) veröffentlicht.

Untersuchungen bei Tieren: Nach verschiedenen Verordnungen von Bund und Ländern sowie auf Initiative des Lebensmittelunternehmers werden diagnostische Untersuchungen ausgeführt. Im Rahmen von Abklärungsuntersuchungen zu melde- oder anzeigepflichtigen Tierkrankheiten werden teilweise auch andere Tierarten eines betroffenen Betriebes mit untersucht. Ebenso werden bei der Sektion verstorbener Tiere Proben für die mikrobiologische Diagnostik entnommen und untersucht. Diese Untersuchungen erfolgen nicht systematisch, sodass die Ergebnisse vor allem dazu dienen können, das Vorkommen bestimmter Erreger

und ihrer Subtypen in der Population darzustellen. Prävalenzschätzungen sind auf dieser Basis nicht möglich.

Futtermittel: Eine amtliche Probennahme und Untersuchung auf bakterielle Kontaminationen wird bei **Futtermitteln** tierischer Herkunft von den Ländern nach § 43 LFGB vorgenommen. Bei der **Einfuhr** werden Futtermittel tierischer Herkunft zusammen mit anderen Erzeugnissen tierischen Ursprungs hauptsächlich entsprechend den Bestimmungen der früheren Binnenmarkt-Tierseuchenschutz-Verordnung nach einem Stichprobenverfahren unter Berücksichtigung der VO (EG) Nr. 1774/2002 auf bakterielle Kontaminationen untersucht.

Humanbereich: Das 2001 in Kraft getretene Infektionsschutzgesetz (IfSG) regelt, welche Krankheiten bei Verdacht, Erkrankung oder Tod und welche labordiagnostischen Nachweise von Erregern meldepflichtig sind. Die Daten werden im wöchentlich erscheinenden Epidemiologischen Bulletin (https://survstat.rki.de/) und im Infektionsepidemiologischen Jahrbuch vom Robert Koch-Institut veröffentlicht. Im Jahrbuch sind auch die entsprechenden Falldefinitionen veröffentlicht. Auf die Ergebnisse aus dem Jahr 2016 wird in diesem Bericht Bezug genommen.

3.2 Zoonosen-Monitoring

3.2.1 Rechtliche Grundlagen und generelle Ziele

Die AVV Zoonosen Lebensmittelkette wurde 2008 erstmals veröffentlicht. Sie basiert auf der Richtlinie 2003/99/EG und bildet die Grundlage für das Zoonosen-Monitoring. Die 2016 gültige Fassung wurde am 10.02.2012 im Bundesanzeiger 2012, Nr. 27 S. 623 veröffentlicht. Die AVV Zoonosen Lebensmittelkette regelt die Vorgehensweise bei der Planung, Koordinierung und Durchführung der Untersuchungen zum Zoonosen-Monitoring und für das anschließende Berichtswesen.

Vorrangig sollen diejenigen Zoonosenerreger überwacht werden, die eine besondere Gefahr für die menschliche Gesundheit darstellen. Im Anhang l Teil A der Richtlinie 2003/99/EG sind die in jedem Mitgliedstaat überwachungspflichtigen Zoonosen und Zoonosenerreger genannt. Weiterhin sollen durch das Zoonosen-Monitoring neu aufkommende Zoonosenerreger und epidemiologische Entwicklungstendenzen erkannt werden. Die Überwachung erfolgt auf den Stufen der Lebensmittelkette einschließlich der Primärproduktion, die hinsichtlich des jeweiligen Zoonosenerregers am besten dafür geeignet sind. Die Monitoringprogramme umfassen auch Elemente des nationalen Resistenzmonitorings. Über das Resistenzmonitoring sowie die Ergebnisse der Untersuchungen zur Resistenz der Keime gegen antimikrobielle Substanzen wird an anderer Stelle berichtet.

Der Bericht über das jährliche Zoonosen-Monitoring wird gemäß der AVV Zoonosen Lebensmittelkette als Bund-Länder-Bericht unter Federführung des BVL veröffentlicht. Die dort berichteten Daten wurden zusammenfassend in den hier vorgelegten Bericht integriert und zu den Daten aus den anderen Erhebungssystemen in Beziehung gesetzt.

3.2.2 Organisation und Durchführung

Der Entwurf des bundesweit gültigen Zoonosen-Stichprobenplans wird vom Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) jährlich neu erstellt und nach Konsultation der Länder im Ausschuss Zoonosen beschlossen. Er enthält konkrete Vorgaben über die zu untersuchenden Zoonosenerreger, die zu überwachenden Tierpopulationen und Stufen der Lebensmittelkette, die Anzahl der zu untersuchenden Proben, die Probenahmeverfahren und die anzuwendenden Analyseverfahren.

Die im Zoonosen-Monitoring von den Ländern ermittelten Untersuchungsergebnisse werden vom BVL gesammelt, ausgewertet, zusammengefasst und im Bund-Länder-Bericht über die Ergebnisse des jährlichen Zoonosen-Monitorings veröffentlicht. Die Untersuchungseinrichtungen der Länder übermitteln die bei den Untersuchungen gewonnenen Isolate an die im Zoonosen-Stichprobenplan festgelegten Referenzlabore des BfR. Die Labore des BfR führen im Rahmen der Risikobewertung eine weitergehende Charakterisierung der Isolate durch. Die Bewertung der Untersuchungsergebnisse durch das BfR wird in den Bericht integriert.

3.2.3 Zoonosen-Stichprobenplan 2016

Der Zoonosen-Stichprobenplan 2016 (Tab. 3.2.1) sah die Untersuchung von repräsentativen Proben aus Erzeugerbetrieben, Schlachthöfen und dem Einzelhandel sowie von Futtermitteln und Wildtieren auf das Vorkommen von *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp., *Listeria monocytogenes*, Methicillin-resistenten *Staphylococcus aureus* (MRSA), verotoxinbildenden *Escherichia coli* (STEC/VTEC), Extended-Spektrum Beta-Laktamase (ESBL)/AmpC- und/oder Carbapenemase-bildenden *E. coli* sowie präsumtiven *Bacillus cereus* vor. Diese Erreger wurden ausgewählt, weil es sich um bedeutende über Lebensmittel übertragbare Zoonosenerreger handelt, die im Anhang I. A der Richtlinie 2003/99/EG als überwachungspflichtige Erreger aufgelistet sind, bzw. um den wissenschaftlichen Kenntnisstand über die Verbreitung von *Bacillus cereus* sowie der resistenten Bakterien MRSA, ESBL/AmpC/Carbapenemase-bildende *E. coli* zu erweitern.

Ziel der Untersuchungen war die Schätzung der Prävalenz der Erreger in spezifischen Erreger-Matrix-Kombinationen. Die Untersuchungen von Proben aus Erzeugerbetrieben zielen darauf ab, das Vorkommen der Erreger in der Primärproduktion und den Eintrag der Erreger in den Schlachthof abzuschätzen. Die Beprobung an den Schlachtbetrieben dient dazu, die Übertragung der Erreger auf das Fleisch und in die weitere Verarbeitung zu untersuchen. Mit den Untersuchungen von Lebensmitteln (einheimische und importierte) im Einzelhandel soll der Kontaminationsstatus abgeschätzt werden, mit dem Lebensmittel zum Verbraucher gelangen. Die Untersuchung der Futtermittel dient der Einschätzung des möglichen Eintrags von Salmonellen in die Lebensmittelkette über Futtermittel. Die Untersuchung der Wildtiere dient einerseits der Einschätzung der möglichen Bedeutung dieser Tiere als Reservoir der untersuchten Zoonoseerreger und resistenten Bakterien für die Tierbestände, andererseits der Abschätzung der Wildtiere als Quelle der Kontamination von Wildfleisch.

Die Zuordnung der Probenzahlen zu den Ländern erfolgte auf Ebene der Erzeugerbetriebe nach der Zahl der gehaltenen Tiere bzw. Haltungsplätze für die betreffende Tierart, auf Schlachthofebene anteilig nach den Schlachtzahlen und im Bereich des Einzelhandels anteilig nach der Bevölkerungszahl. Die Verteilung der Proben der Futtermittel folgte der Kapazität der beprobten Betriebe im Hinblick auf die Herstellung der beprobten Futtermittel. Die Verteilung der Proben der Wildtiere folgte der jeweiligen Jagdstrecke der Tierart in den vergangenen Jahren. Der Probenumfang wurde so gewählt, dass die Prävalenz des Erregers bei einer Vertrauenswahrscheinlichkeit von 95 % zumindest mit einer Genauigkeit von 5 % geschätzt werden kann bzw. sichergestellt ist, dass eine ausreichende Anzahl an Isolaten für die Resistenztestung gemäß Durchführungsbeschluss der Kommission 2013/652/EU zu erwarten ist.

Der Zoonosen-Stichprobenplan enthält Vorgaben zu den anzuwendenden Untersuchungsverfahren. Dabei wurden, soweit vorhanden, international standardisierte mikrobiologische Nachweismethoden sowie Empfehlungen der EFSA als Referenzverfahren herangezogen. Grundsätzlich konnten auch andere gleichwertige Untersuchungsverfahren durchgeführt werden. Alle Untersuchungen zum Erregernachweis wurden in den akkreditierten Untersuchungseinrichtungen der Länder durchgeführt. Einzelheiten zu den im Zoonosen-Stichprobenplan 2015 vorgeschlagenen Untersuchungsmethoden können dem vom Bun-

desamt für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit (BVL) herausgegebenen Bericht über das Zoonosen-Monitoring entnommen werden (BVL, 2017).

Die Umsetzung des Zoonosen-Stichprobenplans wurde im Hinblick auf die Repräsentativität vom BfR bewertet. Die Ergebnisse dieser Bewertung sind dem Bericht zum Zoonosen-Monitoring zu entnehmen. Wo Abweichungen vom Plan Einfluss auf die Bewertung der Ergebnisse hatten, sind sie im jeweiligen Erregerkapitel dieses Berichts erwähnt. Untersuchungen, die vom Stichprobenplan abwichen, wurden im vom BVL veröffentlichten Bericht dokumentiert, aber nicht in die Bewertung einbezogen. Sie werden in den jeweiligen Kapiteln des vorliegenden Berichtes nicht behandelt.

Tab. 3.2.1: Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2015 durchgeführten Untersuchungsprogramme mit geplanten Untersuchungszahlen

		Erreger									
Ebene der Beprobung/ Kurzbezeichnung Programm	Tierart, Matrix	*Salmonella* spp.	*Campylobacter* spp.	*Listeria monocytogenes*	Verotoxinbildende *E. coli* (VTEC)	Methicillin-resistente *S.aureus* (MRSA)	*Enterococcus faecium / faecalis*	Kommensale *E. coli*	ESBL/AmpC-bildende *E. coli*	Carbapenemase-bildende *E. coli*	Präsumtive *Bacillus cereus*
Erzeugerbetrieb											
EB 2a	Masthähnchen (konv.)[1] - Kot - Staubtupfer - Hauttupfer	- - -	- - -	- - -	- - -	- # #	- - -	# - -	# - -	# 6 - -	- - -
EB 2b	Masthähnchen (ökol.)[1] - Kot - Staubtupfer - Hauttupfer	- - -	- - -	- - -	- - -	- ## ##	- - -	## - -	## - -	## 6 - -	- - -
EB 3	Mastputen[1] - Kot	-	-	-	-	-	-	# -	-	-	-
EB 4	Zweischalige Weichtiere - dt. Herkunft, - frisch, lebend - bei der Anlandung							#			
Einfuhrstelle											
IM 5	Zweischalige Weichtiere - frisch, lebend beim Import	-	-	-	-	-	-	#	-	-	-
Schlachthof (Tiere deutscher Herkunft)											
SH 6	Masthähnchen - Kot aus Blinddarm - Halshaut	384 384[2]	550 384[4]	- -	- -	- -	384[5] -	204 -	300 -	300 -	- -
SH 7	Mastputen - Kot aus Blinddarm - Halshaut	384 384[2]	577 -	- -	- -	- -	384[5] -	204 -	300 -	300 -	- -
Futtermittel											
FM 8	Mischfuttermittel - Legehennen	120	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Wildtiere											
WI 9	Wildschwein[3] - Nasentupfer - Kot	- #	- -	- -	- #	# -	- -	- #	- #	- -	- -
Einzelhandel											
EH 10	Hähnchenfleisch - frisches Fleisch (gekühlt, ohne Haut)	384	384	-	-	384	-	384	**384**	**384**	-
EH 11	Putenfleisch - frisches Fleisch (gekühlt, ohne Haut)	384	384	-	-	384	-	384	384	384[6]	-
EH 12	Pflanzliche Lebensmittel - Tomaten (Cocktail/Cherry)	384	-	384	384	-	-	384	384	-	#
EH 13	Pflanzliche Lebensmittel - Sprossen (frisch)	384	-	384[7]	384	-	-	384[8]	384	-	384
EH 14	Zweischalige Weichtiere - frisch, lebend	-	-	-	-	-	-	384	-	-	-

[#] Ein Probenumfang wird nicht vorgegeben; eine maximale Probenzahl wird für jedes Land festgelegt.
[##] Alle Betriebe mit mindestens 1.000 Haltungsplätzen für Masthähnchen sollen beprobt werden.

[1] Es dürfen Proben genutzt werden, die im Rahmen der *Salmonella*-Bekämpfungsprogramme gemäß Verordnungen (EG) Nr. 200/2012 (Masthähnchen), 1190/2012 (Puten) entnommen wurden. Unter ökologisch haltenden Betrieben werden solche verstanden, die gemäß Verordnung (EG) 834/2007 produzieren.
[2] Diese Proben werden ergänzt um *Salmonella*-Isolate, die im Rahmen der Durchführung der VO (EG) Nr. 2073/2005 (mikrobiologische Kriterien) gewonnen wurden.
[3] Gejagtes Wild
[4] Quantitative Untersuchung auf *Campylobacter* spp.
[5] Die Untersuchung auf *Enterococcus faecium/faecalis* ist freiwillig.
[6] Selektive Untersuchung auf Carbapenemase-bildende *E. coli* ist freiwillig.
[7] Qualitative und quantitative Untersuchung auf *Listeria monocytogenes*
[8] Quantitative Untersuchung auf *E. coli*

3.3 *Salmonella*-Bekämpfungsprogramme nach VO (EG) Nr. 2160/2003

Mit der Verordnung (EG) Nr. 2160/2003 wurden die Grundlagen für die Bekämpfung von Salmonellen in verschiedenen Produktionsbereichen gelegt. Hierauf basierend wurden in verschiedenen Verordnungen (VO) die Bekämpfungsziele sowie die Durchführung der Überwachungsprogramme festgelegt. Bekämpfungsmaßnahmen sind für Zuchthühner (VO [EU] Nr. 200/2010), Legehennen (VO [EU] Nr. 517/2011), Masthähnchen (VO [EU] Nr. 200/2012) sowie Puten (VO [EU] Nr. 1190/2012) vorgeschrieben. Die Art der durchzuführenden Untersuchungen und die Meldepflichten gegenüber der EU sind in diesen Verordnungen geregelt.

In Deutschland obliegt die Durchführung dieser Programme den Ländern. Diese berichten über die Ergebnisse an das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL), das wiederum die Daten zur Aus- und Bewertung an das BfR übermittelt. Die in diesem Bericht dargestellten Ergebnisse entsprechen den an die EFSA im Rahmen der Zoonosenberichterstattung übermittelten und vom BfR im Internet veröffentlichten Ergebnissen. Sie werden in diesem Bericht mit den Ergebnissen der anderen Untersuchungssysteme in Beziehung gesetzt.

3.4 Erhebung der Ergebnisse von Untersuchungen auf Zoonosenerreger bei der Lebensmittelüberwachung und bei diagnostischen Untersuchungen von Tieren, Futtermitteln und Umweltproben in den Ländern

3.4.1 Methoden für die Erhebung

Zur Erhebung der Ergebnisse der Untersuchungen der amtlichen Lebensmittelüberwachung (Surveillance) und der diagnostischen Untersuchungen bei Tieren auf Zoonosenerreger werden vom BfR am Ende des Jahres für das zurückliegende Jahr Erhebungsunterlagen im Internet abrufbar bereitgestellt. Mit diesen Formblättern wird festgelegt, für welche Lebensmittelgruppen und Erreger, getrennt nach den wichtigsten Untersuchungsgründen und Stufen der Lebensmittelkette, Daten berichtet werden sollen. Erfasst werden jeweils die Anzahl der durchgeführten und positiv bewerteten Untersuchungen sowie weitere Informationen zu den nachgewiesenen Erregern. Seit 2012 senden die Länder neben den aggregierten Daten auch Lebensmitteldaten in Form von Einzeldatensätzen über das Portal des BVL oder als Direktsendung zum BfR. Die Institutionen der Länder unterteilen hierbei die Untersuchungsgründe in Planproben und Proben aus anderen Untersuchungsgründen, wie Verdachts- und Verfolgungsproben. Planproben werden über das Jahr verteilt von Lebensmittelkontrolleuren aus im Verkehr befindlichen Lebensmitteln gezogen (fünf Proben je 1.000 Einwohner nach § 10 und 11 der AVV-RÜb). Diese werden u. a. auf Infektionserreger nach der Amtlichen Sammlung von Untersuchungsverfahren nach § 64 Abs. 1 des LFGB untersucht. Anlassproben sind Proben, die aufgrund eines Verdachtes, einer Verfolgung oder einer Wiederholung genommen werden. Amtliche Hygieneproben werden bei Inspektionen aufgrund VO (EG) Nr. 852/2004 bzw. 853/2004 in den Herstellerbetrieben genommen. Neben den Untersuchungs-

gründen werden auch die Entnahmeorte (Einzelhandel, Großhandel bzw. Hersteller) von Planproben berichtet.

3.4.2 Auswertung der Daten

Die Mitteilungen der Länder werden aus den per E-Mail zugesandten Formblättern bzw. den Einzeldaten-Dateien automatisch in eine Datenbank eingelesen, zusammengefasst, harmonisiert und mit Standardverfahren ausgewertet. Die Nachweisraten (Positiv-Prozente) für die einzelnen Erreger in den jeweiligen Lebensmitteln bzw. anderen Kategorien werden aus den Summen der mitgeteilten Untersuchungen und der positiven Befunde für z. B. Planproben errechnet und in Tabellen aufbereitet. Für diese Auswertung werden die Mitteilungen berücksichtigt, für die beide Werte (Untersuchungszahl und Positivzahl) mitgeteilt wurden (Ausnahmen sind separat dargestellt). Ergänzend enthalten die Tabellen die Zahl der beteiligten Länder und Laboratorien.

Für die Expositions-Trendanalyse werden die errechneten Nachweisraten in ausgewählten Lebensmittelgruppen mit den Verzehrsdaten für diese Lebensmittelgruppen (kg/Kopf und Jahr; BMEL, 2017; BLE[1], pers. Mitteilung) multipliziert. Daraus ergibt sich der Anteil der mit dem Erreger kontaminierten Verzehrsmenge als Schätzung einer möglichen Exposition des Verbrauchers durch dieses Lebensmittel für jedes Jahr (in kg/Kopf und Jahr). Dieser Anteil wird mit der Anzahl der gemeldeten Infektionen des Menschen über den Zeitraum 2003–2016 korreliert. Der errechnete Korrelationskoeffizient (nach Pearson in MS-EXCEL) ist somit ein Maß für die Beziehung zwischen der Anzahl der gemeldeten humanen Infektionen und der potenziell kontaminierten Verzehrmenge im Bezugszeitraum.

Die als Einzeldaten zugesendeten Daten werden teilweise in einer wöchentlichen Auswertung dargestellt. Die vergleichbare Auswertung menschlicher Erkrankungen kann als Vergleich herangezogen werden (https://survstat.rki.de/).

3.4.3 Präsentation der Daten

Die von den Ländern berichteten Daten werden für jeden Erreger getrennt jeweils in Tabellen meist am Ende des Kapitels zusammengefasst. Nachfolgend wird die Struktur dieser Tabellen kurz beschrieben.

Abkürzungen für die Bundesländer unter „Länder“

BE	Berlin	NW	Nordrhein-Westfalen
BB	Brandenburg	HE	Hessen
BW	Baden-Württemberg	RP	Rheinland-Pfalz
BY	Bayern	SN	Sachsen
HB	Bremen	ST	Sachsen-Anhalt
HH	Hamburg	SH	Schleswig-Holstein
MV	Mecklenburg-Vorpommern	SL	Saarland
NI	Niedersachsen	TH	Thüringen

[1] BLE: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung, Bonn

Erläuterung der verwendeten Zahlenangaben

Beispiel für einen Tabellenkopf:

Quelle		Zoonosenerreger	Herden/Gehöfte – Sendungen				Einzeltiere, Proben bzw. Gewicht (t)				Anmer-
*)	Länder		untersucht	Pos.	%	%r	untersucht	Pos.	%	%r	kungen

*)
Quelle = Kategorie (Lebensmittel, Tierarten etc.)
n (m) = Zahl der beteiligten Länder (n)/Zahl der beteiligten Laboratorien (m)
untersucht = Zahl der untersuchten Herden, Proben, Tiere etc.
Pos. = Zahl der positiven Herden, Proben, Tiere etc.
% = %-Rate: % positive der untersuchten Proben
%r = Serotyp-, Speziesverteilung: Anteil eines Serotyps an allen typisierten Stämmen (relativer Prozentanteil; bei mehr als zehn Nachweisen und vollständiger Datenangabe)

Sonstige Erläuterungen

(Salmonella als Beispiel)

„*S.*, sonst" — *Salmonella*-Serovare außer einigen relevanten Serovaren, wie *S.* Enteritidis und Typhimurium, werden hierunter zusammengezählt.

„Mehrfachisolate (add. Isol.)" — Angaben von „Mehrfachisolaten" in einzelnen Proben führten zu einer größeren Erregerzahl als die positiven Proben.

„fehlende (missing)" — Serovare oder Speziesdifferenzierungen wurden nicht mitgeteilt.

Beispiel für die Darstellung im Tabellenkopf:

Quelle		Zoonosenerreger	Proben untersucht	Pos.	%	%r	Ab- weichung	Konfidenz- intervall (%)	Anmer- kungen
*)	Länder								

$$\text{Abweichung} = \alpha\ (95\ \%) * \sqrt{\frac{\text{Pr}\,oz * (1 - \text{Pr}\,oz)}{\text{Pr}\,obenzahl}}$$

α (95 %) = 1,96
Proz = errechneter Anteil der positiven Proben (%),
Probenzahl = Zahl der untersuchten Proben
95 % Konfidenzintervall = Prozentsatz ± Abweichung (untere Grenze bis obere Grenze)

Hinweise zur Interpretation der geografischen Karten mit Länderverteilungen

Jede geografische Karte enthält eine Legende, die oben links fixiert ist und die verwendeten Farben erklärt. Je Bundesland ist eine Torte dargestellt, die bei vorhandenen Untersuchungen die verschiedenen Erregerspezies oder Serovare für jedes Land prozentual als Kreissegment sichtbar macht. Der Durchmesser der Torte ist proportional zu $\log_{10}$ der Probenzahl. Auf den Weltkarten für die Untersuchung von Importfuttermitteln auf Salmonellen haben die Torten eine einheitliche Größe und geben über den Anteil positiver Proben sowie die Serovarverteilung Auskunft.

3.5 Literatur

BMEL (2017): Statistisches Jahrbuch über Ernährung, Landwirtschaft und Forsten der Bundesrepublik Deutschland 2017. Landwirtschaftsverlag GMBH, Münster-Hiltrup, 585 S. https://www.bmel-statistik.de/fileadmin/user_upload/010_Jahrbuch/Agrarstatistisches-Jahrbuch-2016.pdf

BVL (2017): Berichte zur Lebensmittelsicherheit – Zoonosen-Monitoring 2016. BVL-Report 12.2

4 Ergebnisse einschließlich Bewertung

4.1 Salmonella

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“ sowie dem NRL für Salmonellen

B.-A. Tenhagen, A. Käsbohrer, I. Szabo, M. Hartung

4.1.1 Einleitung

Die an das RKI gemeldeten *Salmonella*-Infektionen des Menschen sind in Deutschland 2016 gegenüber dem Vorjahr um 6,5 % auf 12.962 Erkrankungen zurückgegangen. Die Inzidenz lag bei 16 Erkrankungen je 100.000 Einwohner. *S.* Enteritidis war mit 41 % bei menschlichen Erkrankungen die häufigste Ursache für Salmonellosen, gefolgt von *S.* Typhimurium mit 36 % der typisierten Salmonelleninfektionen. Es folgten *S.* Infantis (2,9 %) und *S.* Derby (1,6 %). Die übrigen Serotypen machten zusammen 19 % aus. Der relative Anteil von *S.* Enteritidis ist wenig gestiegen und der Anteil von *S.* Typhimurium ist zurückgegangen (vgl. a. Abb. 4.1.2). Es wurden 18 Todesfälle berichtet, wobei vier Todesfälle mit *S.* Typhimurium, zwei mit *S.* Stourbridge, und je ein Todesfall mit *S.* Derby, *S.* Enteritidis, *S.* Manhattan, *S.* Thompson, *S.* Virchow und *S.* der Gruppe B O:4,5,12:i:- in einen Zusammenhang gebracht wurden (RKI, 2017).

Oft sind Lebensmittel tierischen Ursprungs die Quelle für diese Erkrankungen. Im Folgenden werden die Ergebnisse der Untersuchungen von Lebensmitteln, Tieren, Futtermitteln sowie Proben aus der Umwelt aufgeführt und besprochen (Tab. 4.1.1–4.1.30).

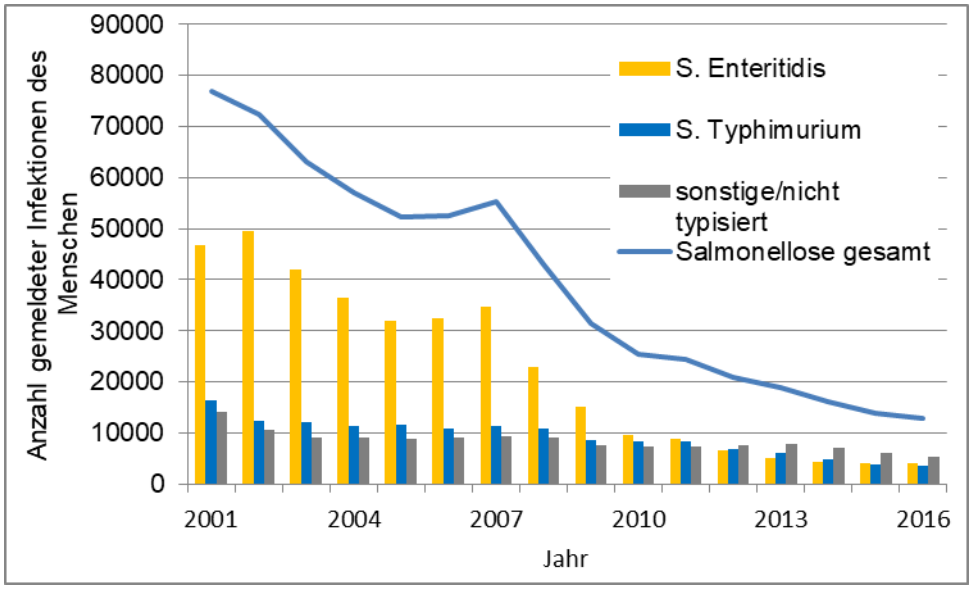

Abb. 4.1.1: Dem RKI gemeldete Fälle von Salmonellose beim Menschen 2001–2016 (n. RKI, 2017)

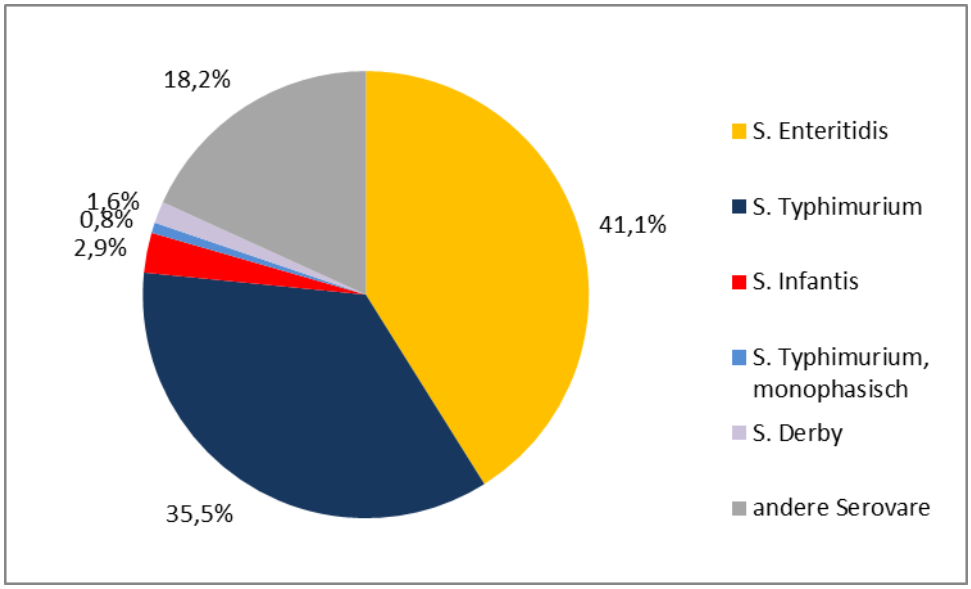

Abb. 4.1.2: Anteile der dem RKI gemeldete Serovare von Salmonellosen beim Menschen 2016 (n. RKI, 2017, https://survstat.rki.de/). Gezeigt werden die fünf häufigsten Serovare.

4.1.2 Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings wurden 2016 Proben aus den Lebensmittelketten Hähnchenfleisch und Putenfleisch, Kotproben von Wildschweinen sowie Tomaten und Sprossen auf Salmonellen untersucht.

Die Nachweisrate von *Salmonella* spp. in den Poolproben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof betrug 2,3 %. In Halshautproben, die von Schlachtkörpern derselben Schlachtchargen entnommen werden sollten, wurden Salmonellen zu 6,7 % und damit deutlich häufiger nachgewiesen. Frisches Hähnchenfleisch im Einzelhandel wies eine Kontaminationsrate mit Salmonellen von 4,7 % auf. Bei den Serovaren dominierte *S*. Paratyphi B dT+, gefolgt von *S*. Indiana. *S.* Enteritidis wurde in der Hähnchenfleischkette nicht nachgewiesen.

Bei Mastputen am Schlachthof waren 1,0 % der Blinddarmproben positiv für Salmonellen. Die Nachweisrate von Salmonellen in Halshautproben der Schlachtkörper, die aus derselben Schlachtcharge entnommen werden sollten, war mit 11,9 % deutlich höher. Frisches Putenfleisch aus dem Einzelhandel wies eine *Salmonella*-Kontaminationsrate von 2,6 % auf. In den auf der Ebene des Einzelhandels entnommenen Proben von Tomaten wurden keine Salmonellen nachgewiesen, während 0,8 % der Proben von Sprossen *Salmonella*-positiv waren.

Kotproben von Wildschweinen waren insgesamt zu 2,4 % *Salmonella*-positiv. Dabei wurden in den Proben von Jungtieren keine Salmonellen nachgewiesen, während Kotproben von ausgewachsenen Wildschweinen zu 3,3 % positiv für Salmonellen waren.

Tab. 4.1.1: Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Masthähnchen sowie in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel 2016

Matrix	untersuchte Proben (N)	*Salmonella*-positive Proben (n)	95% Konfidenzintervall
Hähnchenfleischkette			
Schlachthof			
Blinddarminhalt	429	10	2,3 (1,2–4,3)
Halshaut	326	22	6,7 (4,5–10,1)
Einzelhandel			
Frisches Fleisch (ohne Haut)	424	20	4,7 (3,0–7,2)
Putenfleischkette			
Schlachthof			
Blinddarminhalt	509	5	1,0 (0,4–2,3)
Halshaut	402	48	11,9 (9,1–15,5)
Einzelhandel			
Frisches Fleisch (ohne Haut)	462	12	2,6 (1,4–4,5)
Sonstige Proben			
Kotproben von Wildschweinen	551	13	2,4 (1,3–4,0)
Jungtiere	139	0	0,0 (0,0–3,2)
ausgewachsene Tiere	391	13	3,3 (1,9–5,7)
Tomaten (Cocktail/Cherry)	480	0	0,0 (0,0–1,0)
Sprossen (frisch)	367	3	0,8 (0,2–2,5)

Tab. 4.1.2: Serovare der eingesandten *Salmonella*-Isolate aus den Programmen der Hähnchen- (N=47) und Putenfleischkette (N=65) sowie weiteren Programmen

	Masthähnchen			Mastputen				
	Blind-darm-inhalt	Schlacht-körper	Fleisch, Einzel-handel	Blind-darm-inhalt	Schlacht-körper	Fleisch, Einzel-handel	Spros-sen	Wild-schwein-kot
S. Agona					1			
S. Anatum		1						
S. Blockley					4			
S. Bredeney						1		
S. Coeln				1				
S. Enteritidis					1			3
S. Indiana	3	3						
S. Hadar				3	11	3		
S. Infantis	1	3	11					
S. Livingstone		1						
S. Kentucky					2			
S. Manhattan				1				
S. Newport					1			
S. Ohio	1	1						
S. Paratyphi B (dT+)	4	8	4	1	2			
S. Saintpaul				1	1	3		
S. Schwarzengrund					6			
S. Senftenberg					6			
S. Stanley					2	1		
S. Stanleyville								1
S. Subspezies I			2	1	1	1		6
S. Subspezies I Rau-form	1		1					
S. Typhimurium,	1			1	1	2	1	1
S. Typhimurium, monophasisch		1		0	6	0		
Gesamt	**11**	**18**	**18**	**9**	**45**	**11**	**1**	**11**

Unter den Isolaten aus der Lebensmittelkette Hähnchenfleisch dominierten die Serovare *S.* Infantis (14 Isolate) und *S.* Paratyphi B dT+ (16 Isolate). Die bekämpfungsrelevanten Serovare *S.* Enteritidis und *S.* Typhimurium sowie dessen monophasische Variante wurden je einmal nachgewiesen. In der Putenfleischkette wurde häufig das Serovar *S.* Hadar nachgewiesen (17 Isolate). Hier wurde auch die monophasische Variante von *S.* Typhimurium (6 Isolate), *S.* Typhimurium (4 Isolate) und *S.* Enteritidis (1 Isolat) nachgewiesen. Das einzige eingesandte Isolat aus Sprossen war *S.* Typhimurium. Aus Wildschweinkot wurde v.a. S Subspezies I nachgewiesen. Hier gab es drei Isolate von *S.* Enteritidis und eines von *S.* Typhimurium.

4.1.3 Mitteilungen der Länder über die Ergebnisse der Untersuchung von Lebensmitteln

Die Ergebnisse der Meldungen über Lebensmitteluntersuchungen auf Salmonellen für 2016 sind in den Tabellen 4.1.8–4.1.19 wiedergegeben.

Fleisch ohne Geflügel: Die Ergebnisse der Planprobenuntersuchungen auf Salmonellen bei der amtlichen Lebensmittelkontrolle sind in Tab. 4.1.8–4.1.15 sowie in Abb. 4.1.7 dargestellt. „Fleisch ohne Geflügel“ wurde in einem geringeren Umfang als im Vorjahr untersucht (2.549 Proben, 2015: 3.191). Dabei wurden in 1,9 % der Proben Salmonellen nachgewiesen (2015: 1,4 %).

Bei Rindfleisch gelang der Nachweis in zwei Proben (0,4 %; 2015: 0,3 %). Bei Schweinefleisch wurden in 2,4 % der Proben Salmonellen nachgewiesen (2015: 2,1 %). Bei Fleisch von Hirschen und Rehen gelang kein Nachweis von Salmonellen (2015: 2,2 %); allerdings wurden in einer Probe in Fleisch von unspezifizierten Wildwiederkäuern Salmonellen nachgewiesen.

In zerkleinertem Rohfleisch wurden Salmonellen in 2,3 % der Proben (2015: 1,8 %) nachgewiesen, auch in Hackfleisch wurde mit 1,6 % (2015: 1,4 %) eine gegenüber dem Vorjahr leicht erhöhte Nachweisrate berichtet. Die *Salmonella*-Nachweisrate bei Hackfleischzubereitungen lag dagegen mit 1,2 % niedriger als im Vorjahr (2015: 1,7 %). Bei hitzebehandelten Fleischerzeugnissen wurden in 0,06 % der Proben Salmonellen nachgewiesen (2015: 0,09 %). Aus anders stabilisierten Fleischerzeugnissen wurden im Vergleich zum Vorjahr Salmonellen etwas seltener isoliert (0,7 %; 2015: 0,8 %).

Aus Rotfleisch sowie Erzeugnissen und Produkten hieraus wurde in erster Linie *S.* Typhimurium isoliert. *S.* Choleraesuis wurde in Wildfleisch gefunden. Dagegen wurde bei Schweinefleisch auch *S*. Infantis gefunden (Tab. 4.1.8).

Geflügelfleisch: Die Nachweisrate für Salmonellen in Planproben von Geflügelfleisch (Tab. 4.1.9) lag mit 6,0 % über dem Wert des Vorjahres (2015: 4,9 %; vgl. Abb. 4.1.7). Der Wert für Hähnchenfleisch erhöhte sich auf 6,6 % (2015: 3,6 %). Auch die Nachweisrate für Putenfleisch hat sich mit 2,4 % gegenüber dem Vorjahr erhöht (2015: 1,3 %). Wie in den Vorjahren wurden bei den in begrenztem Umfang durchgeführten Untersuchungen von Gänse- und Entenfleisch häufig Salmonellen nachgewiesen. Die *Salmonella*-Raten lagen für Gänsefleisch bei 33 % (2015: 39 %) und für Entenfleisch bei 8,9 % (2015: 5 %).
Bei Masthähnchenfleisch wurden *S.* Infantis, *S.* Enteritidis und *S.* Paratyphi B, meist als var. Java, als die häufigsten Serovare mitgeteilt. S. Enteritidis wurde bei 1,1 % der Isolate in Fleisch von Masthähnchen gefunden (2015: 0,3 %).

In Abb. 4.1.8 ist die Verteilung der Salmonellen-Nachweise in Masthähnchenfleisch in den Ländern dargestellt. Salmonellen wurden in acht Ländern im Rahmen der amtlichen Überwachung nachgewiesen. In jeweils mehreren Ländern wurden *S.* Enteritidis, *S.* Infantis sowie *S.* Paratyhi B var. Java isoliert. In vier Ländern mit geringen Untersuchungszahlen wurden keine Salmonellen in Masthähnchenfleisch nachgewiesen (vgl. Tab. 4.1.10).

Bei Putenfleisch wurden *S.* Typhimurium, *S.* Saintpaul, *S.* Hadar und *S*. Enteritidis isoliert. Bei Gänsefleisch wurde *S.* Typhimurium in 5 % der Proben isoliert, daneben wurde *S*. Enteritidis in einer Probe und *S.* Indiana wurde in zwei Proben isoliert.

In Fleischerzeugnissen mit Geflügelfleisch ergaben die Mitteilungen der Länder eine *Salmonella*-Nachweisrate von 0,9 % (2015: 1,4 %). Dabei wurden *S.* Paratyphi var. Java*, S.* Infantis und *S.* Blockley berichtet.

Küchenfertig vorbereitetes rohes Geflügelfleisch war zu 4,3 % *Salmonella*-positiv (2015: 6,3 %). Aus diesen Proben wurden *S.* Saintpaul (25 %) *S.* Paratyphi B var. Java (17 % der isolierten Salmonellen), *S*. Enteritidis (13 %) und *S.* Infantis (4 %) gemeldet.

Bei Konsumeiern (Tab. 4.1.11) wurden in drei Planproben Salmonellen (2015: neun Proben) nachgewiesen (0,08 %), seltener als im Vorjahr (2015: 0,22 %). Dabei wurde nur für einen Befund das Serovar angegeben (*S.* Typhimurium). Auch in drei Anlassproben von Konsumeiern wurden Salmonellen auf der Schale nachgewiesen. Dabei handelte es sich bei zwei Isolaten um *S.* Indiana. Aus einer Planprobe von verkehrsfertigen Eiprodukten wurde *S.* Cerro isoliert.

In Fischen und Meerestieren wurden wie in den Vorjahren nur selten Salmonellen nachgewiesen. Dabei wurden keine Angaben über die nachgewiesenen Serovare gemacht (vgl. Tab. 4.1.9).

Bei Planproben von Milch und Milcherzeugnissen (Tab. 4.1.13) wurden, ähnlich den Vorjahren, selten *Salmonella*-Nachweise berichtet. Positive Nachweise gelangen in zwei Proben von Milchprodukten ohne Rohmilch, wobei *S.* Hadar isoliert wurde. Daneben wurde eine positive Probe von Weichkäse berichtet. Salmonellen wurden auch in anderen Milchprodukten gefunden.

In den sonstigen, meist weiter verarbeiteten oder pflanzlichen Lebensmitteln (Tab. 4.1.14) wurde, wie in den Vorjahren, nur selten eine *Salmonella*-Kontamination festgestellt. Bei feinen Backwaren wurden in 0,2 %, bei eihaltigen Feinkostsalaten in 1,1 %, bei milchhaltigen Feinkostsalaten in 1,0 % (*S.* Typhimurium), bei Fertiggerichten in 0,2 % sowie bei pflanzlichen zwischen 0,3 % und 1,1 % der untersuchten Proben Salmonellen festgestellt. *S.* Enteritidis wurde nicht berichtet.

In Abb. 4.1.4 und 4.1.5. sind die **monatlichen Ergebnisse der Untersuchungen der Länder** von Schweinefleisch und Hackfleisch aufgeführt. Daraus geht hervor, dass in beiden Lebensmitteln über das Jahr hinweg immer wieder Nachweise von Salmonellen berichtet wurden und keine eindeutige Saisonalität erkennbar war.

In Abb. 4.1.6 sind die monatlichen **Ergebnisse der Untersuchungen** der Länder von Masthähnchenfleisch dargestellt. Die *Salmonella*-Nachweise zeigen einen Schwerpunkt zwischen Juni und November.

In Tab. 4.1.15 sind die Ergebnisse der Untersuchung von Planproben aus dem Einzelhandel als Teil der bisher insgesamt betrachteten Ergebnisse dargestellt. Die Proben aus dem Einzelhandel stellten den überwiegenden Anteil aller Planproben dar, weshalb die Ergebnisse weitgehend mit den Gesamtergebnissen für Planproben übereinstimmen. Konsumeier zeigten im Einzelhandel eine *Salmonella*-Nachweisrate von 0,13 % (2015: 0,34 %). Dieser Wert liegt über dem Wert für alle Planproben (0,08 %).

In der Tab. 4.1.16 sind die Ergebnisse der Untersuchung von **Anlassproben** zusammengefasst. Zu den Anlassproben gehören die Verdachts- und Verfolgsproben, z.B. aufgrund von festgestellten Hygienemängeln oder nach lebensmittelbedingten Erkrankungen. Dementsprechend sind in einigen Lebensmittel-Rubriken höhere Prozentzahlen gegenüber den Planproben zu beobachten.

Wenige amtliche Hygieneproben (Tab. 4.1.17) wurden von einem Land mitgeteilt. Diese Proben sind Tupferproben aus Herstellerbetrieben, die sich als negativ erwiesen hatten.

Bei den **sonstigen Untersuchungsgründen** (Tab. 4.1.18) wurden auch Eigenuntersuchungen der Betriebe berücksichtigt, die von den Landesuntersuchungseinrichtungen im Auftrag

durchgeführt wurden. Salmonellen wurden dabei nur bei Geflügelfleisch gefunden. Insbesondere bei Fleisch von Truthähnen/Puten wurden in 12 % der Proben *Salmonella*-Nachweise geführt.

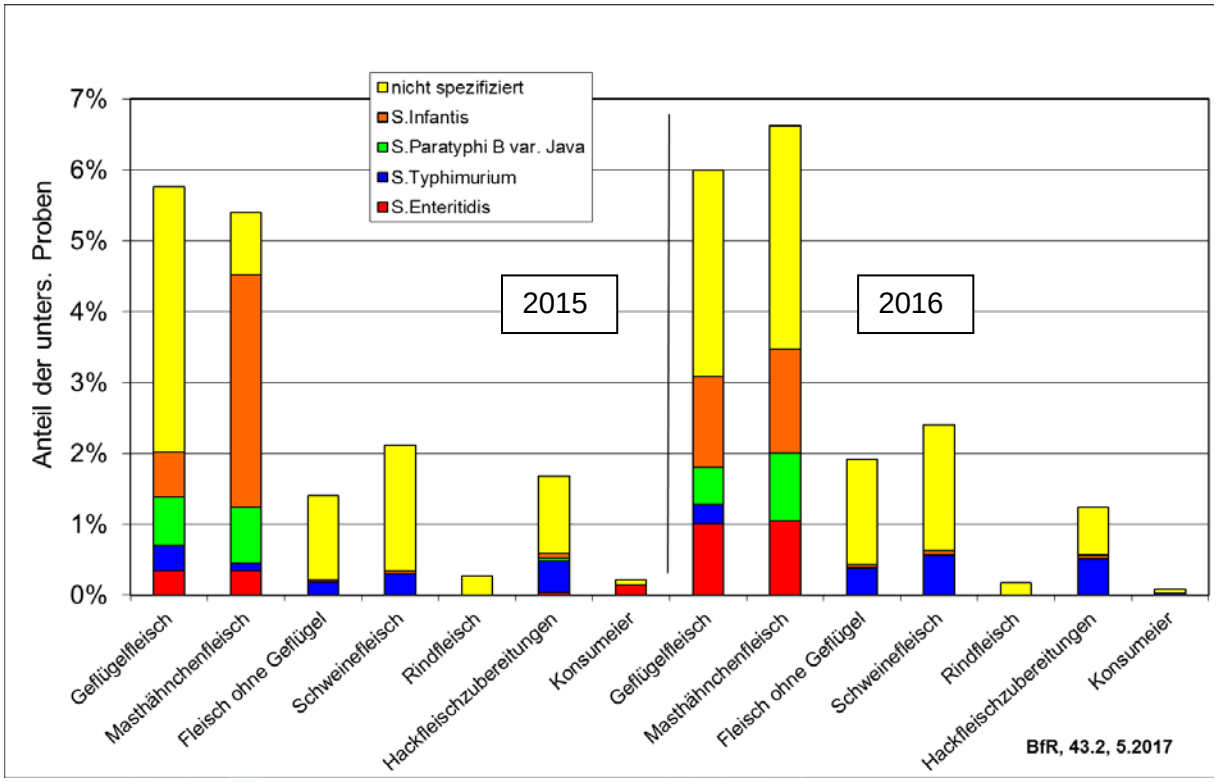

Abb. 4.1.3: *Salmonella*-Serovare bei Lebensmitteln in Deutschland 2016 im Vergleich zu 2015

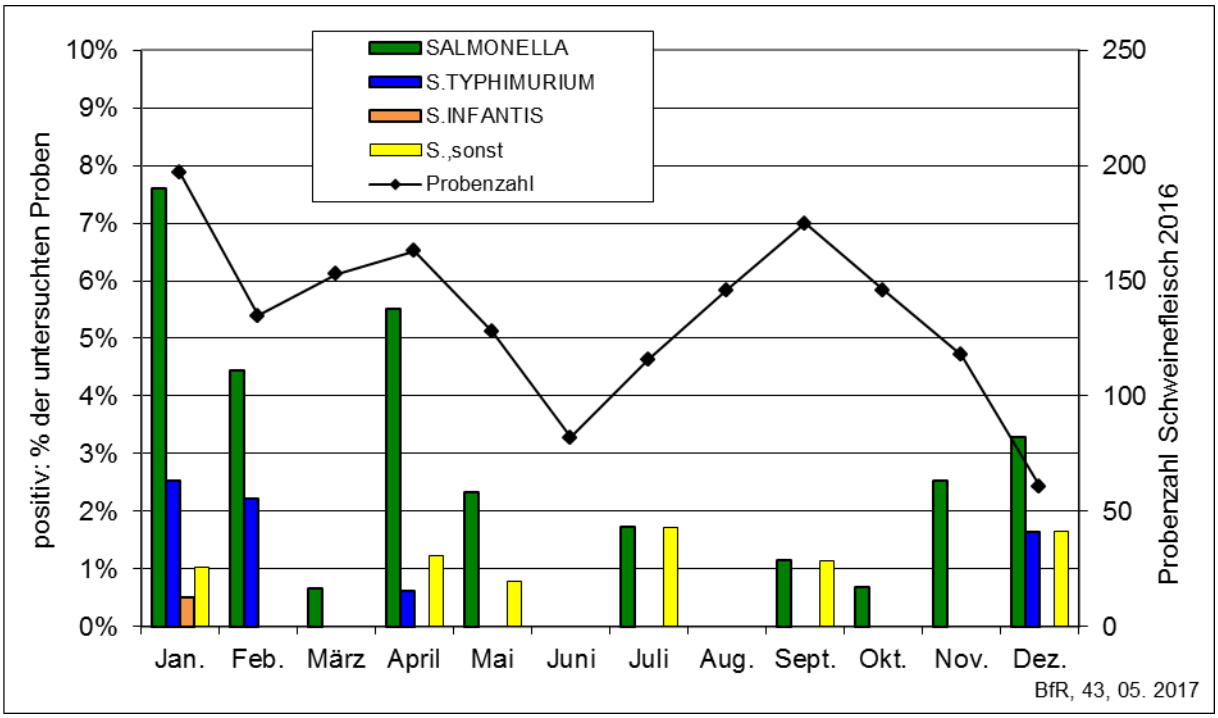

Abb. 4.1.4: *Salmonella*-Nachweisrate bei Schweinefleisch in Deutschland 2016 nach Monaten

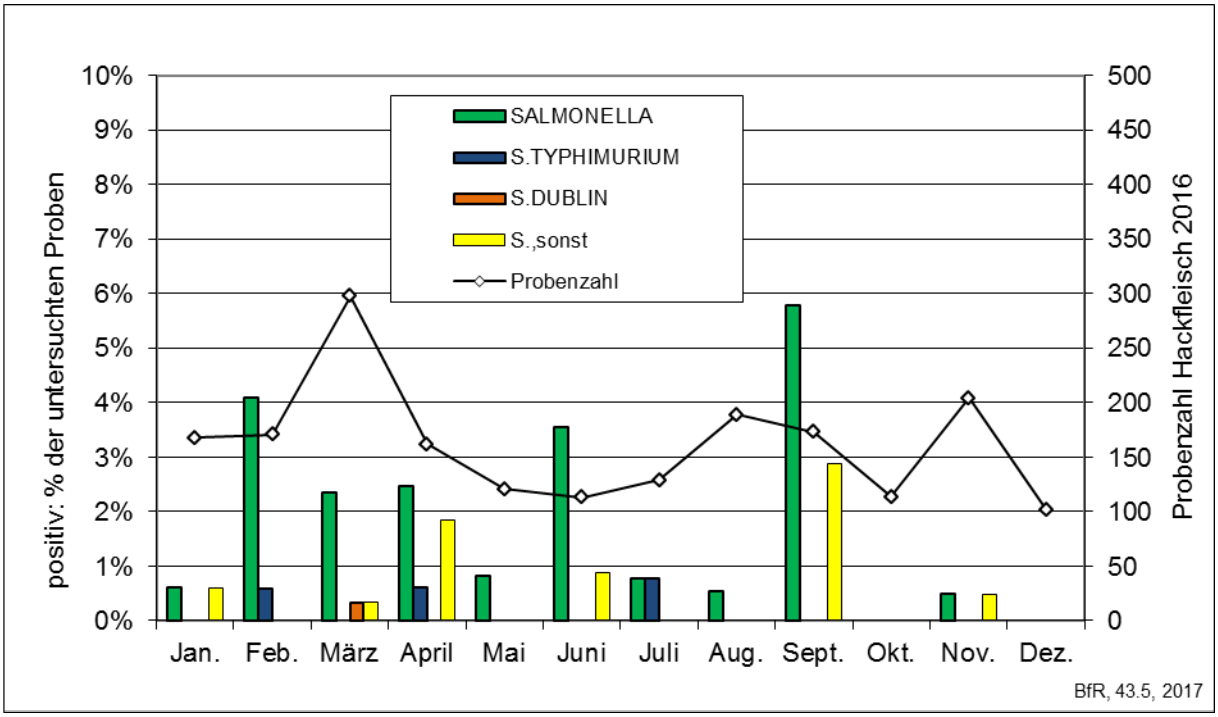

Abb. 4.1.5: *Salmonella*-Nachweisrate bei Hackfleisch in Deutschland 2016 nach Monaten

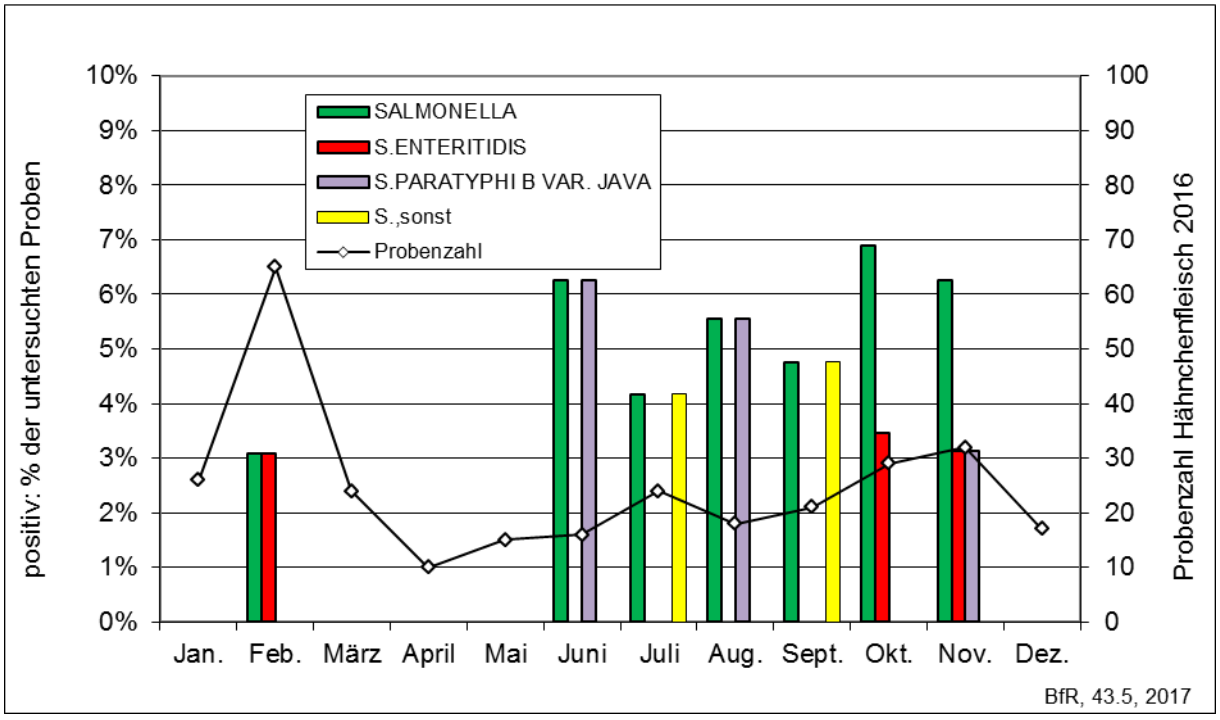

Abb. 4.1.6: *Salmonella*-Nachweisrate bei Masthähnchenfleisch in Deutschland 2016 nach Monaten

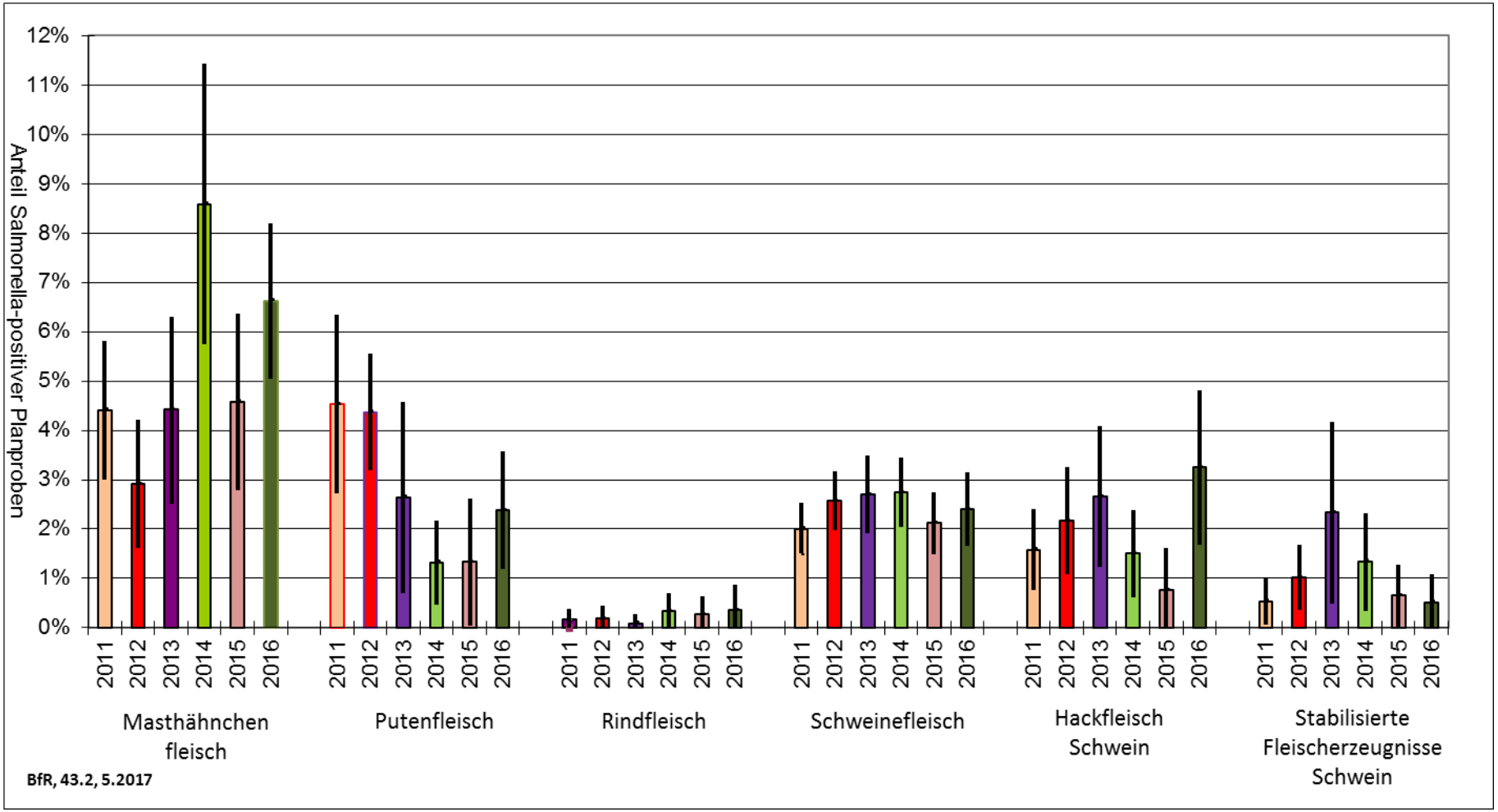

Abb. 4.1.7: *Salmonella*-Nachweisrate in Planproben ausgewählter Lebensmittelgruppen 2011–2016

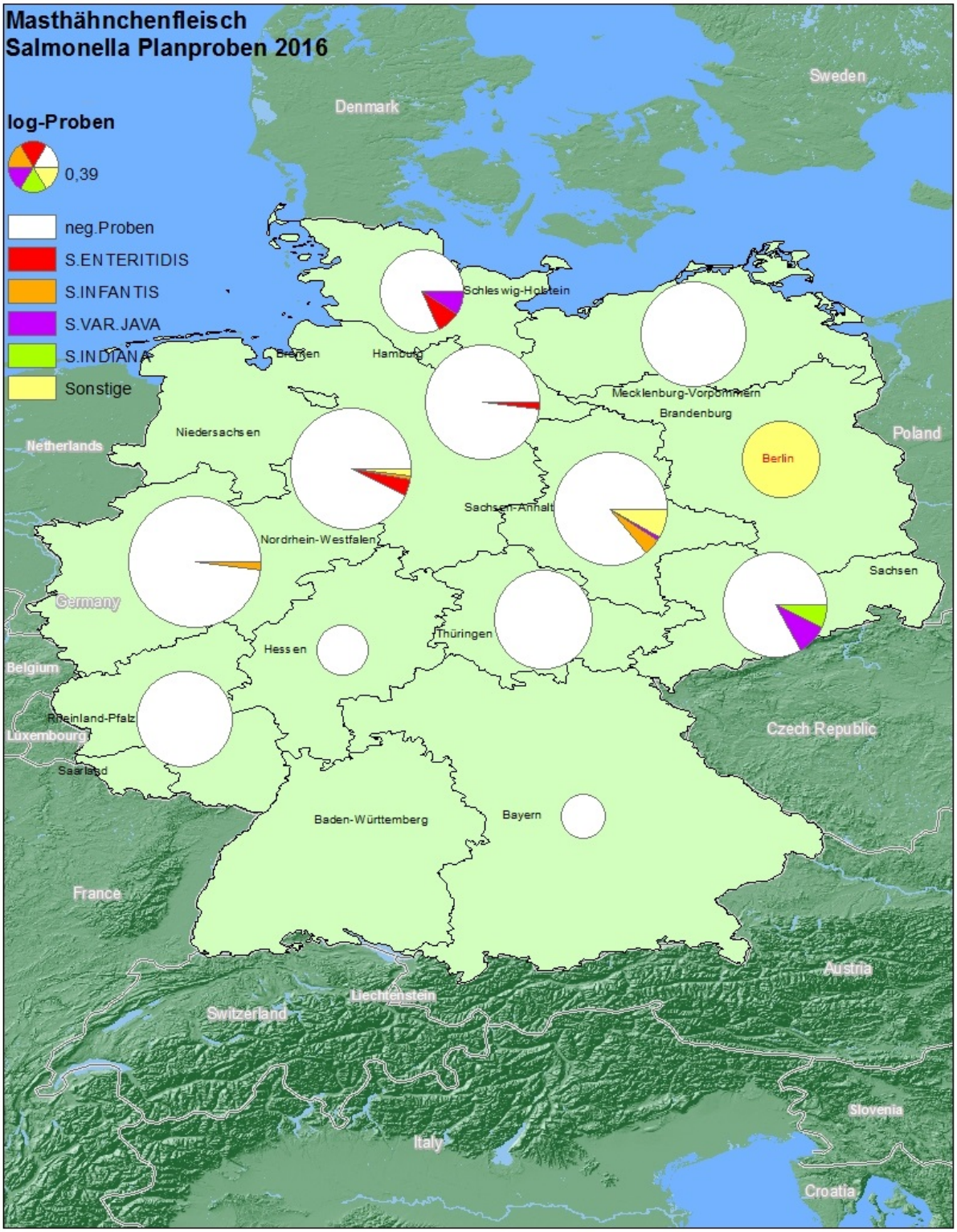

Abb. 4.1.8: Ergebnisse der *Salmonella*-Untersuchungen bei Masthähnchenfleisch in Deutschland 2016 nach Ländern

4.1.4 Beziehungen zwischen der Exposition des Menschen mit *S*. Enteritidis über unterschiedliche Lebensmittel und dem Vorkommen von Infektionen mit *S*. Enteritidis beim Menschen in Deutschland (Expositions-Trendanalyse)

Im Folgenden wird der Zusammenhang zwischen der geschätzten Exposition mit *S.* Enteritidis über ausgewählte Lebensmittel und den gemeldeten Erkrankungszahlen des Menschen betrachtet. Die Exposition wurde anhand der Ergebnisse der Untersuchungen von Planproben im Rahmen der Lebensmittel-Überwachung und Verzehrszahlen aus dem Statistischen Jahrbuch für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten geschätzt. Die Erkrankungszahlen wurden den Infektionsepidemiologischen Jahrbüchern des RKI entnommen (vgl. Abb. 4.1.1). Es zeigte sich eine hohe Korrelation für die Exposition über Konsumeier (Korrelationskoeffizient 0,92) und Geflügelfleisch (Korrelationskoeffizient: 0,75) mit der Erkrankungshäufigkeit für den Zeitraum 2003–2016. Dies bestätigt die Ergebnisse der Schätzungen in den vergangenen Jahren. Für die Exposition über Schweine- und Rindfleisch konnte dagegen kein Zusammenhang zur Zahl der gemeldeten Salmonellosefälle durch *S.* Enteritidis aufgezeigt werden (Abb. 4.1.9).

4.1.5 Beziehungen zwischen der Exposition des Menschen mit *S*. Typhimurium über unterschiedliche Lebensmittel und dem Vorkommen von Infektionen mit *S*. Typhimurium beim Menschen in Deutschland (Expositions-Trendanalyse)

Im Folgenden wird der Zusammenhang zwischen der geschätzten Exposition mit *S.* Typhimurium über ausgewählte Lebensmittel und den gemeldeten Erkrankungszahlen des Menschen betrachtet. Die Exposition wurde anhand der Ergebnisse der Untersuchungen von Planproben im Rahmen der Lebensmittel-Überwachung und Verzehrszahlen aus dem Statistischen Jahrbuch für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten geschätzt. Die Erkrankungszahlen wurden den Infektionsepidemiologischen Jahrbüchern des RKI entnommen. Für die betrachteten Lebensmittelgruppen zeigte sich die höchste Korrelation für die Exposition über Schweinefleisch (Korrelationskoeffizient 0,86) mit der Erkrankungshäufigkeit für den Zeitraum 2003–2016, während die Werte für Geflügelfleisch (Korrelationskoeffizient 0,69), Putenfleisch (Korrelationskoeffizient 0,50) und Rindfleisch (Korrelationskoeffizient 0,52) niedriger lagen (Abb. 4.1.10). Danach ist die Bedeutung von Schweinefleisch im Vergleich zum Vorjahr etwas gesunken. Die Bedeutung von Geflügelfleisch (auch Putenfleisch) und Rindfleisch für die Übertragung von *S.* Typhimurium bei menschlichen Salmonellosen ist ebenfalls zu beachten.

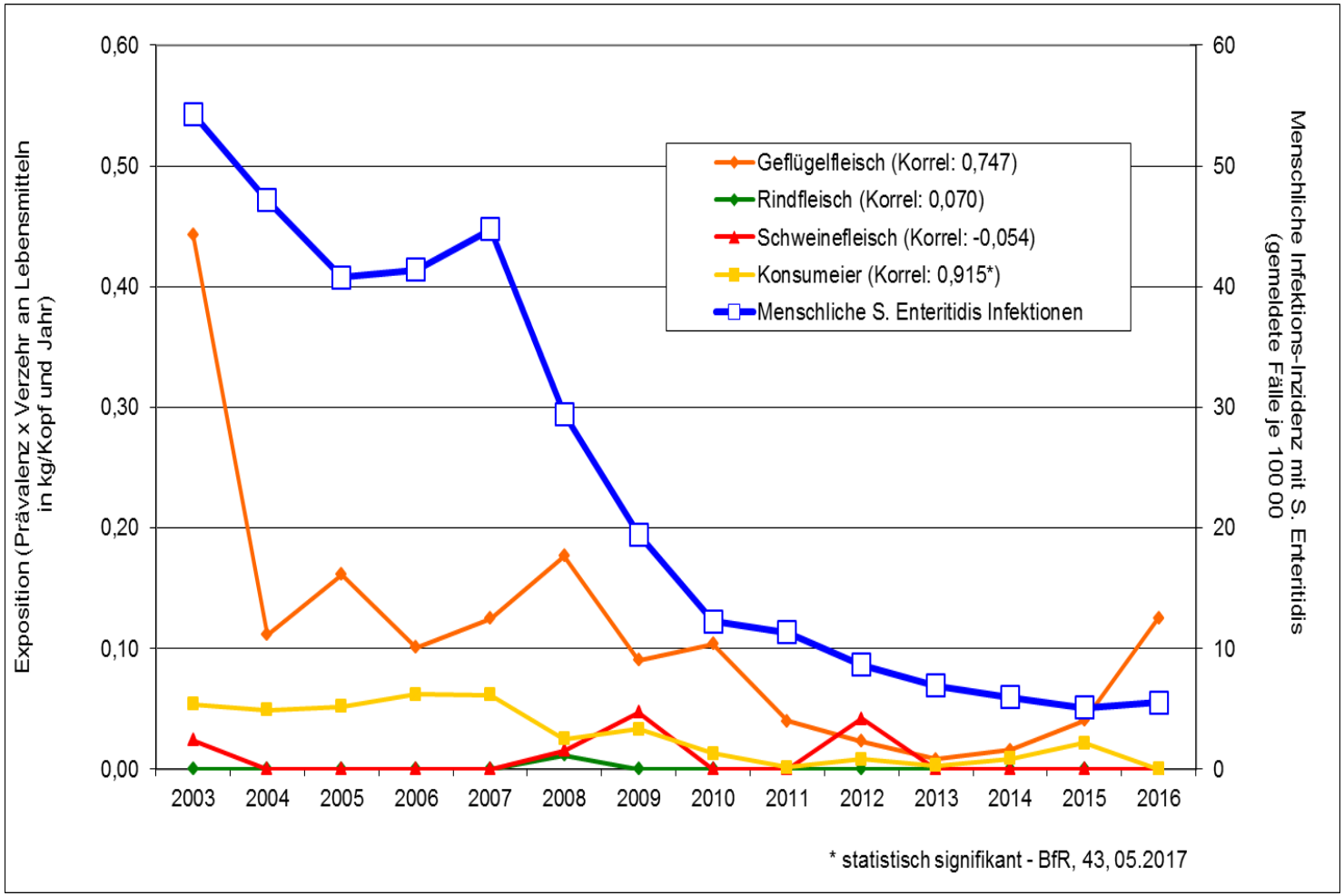

Abb. 4.1.9: Expositions-Trendanalyse: Korrelation menschlicher Infektionen mit S. Enteritidis und der Exposition mit S. Enteritidis durch kontaminierte Lebensmittel 2003-2016 (Quellen: BfR, RKI, BLE; vgl. Text)

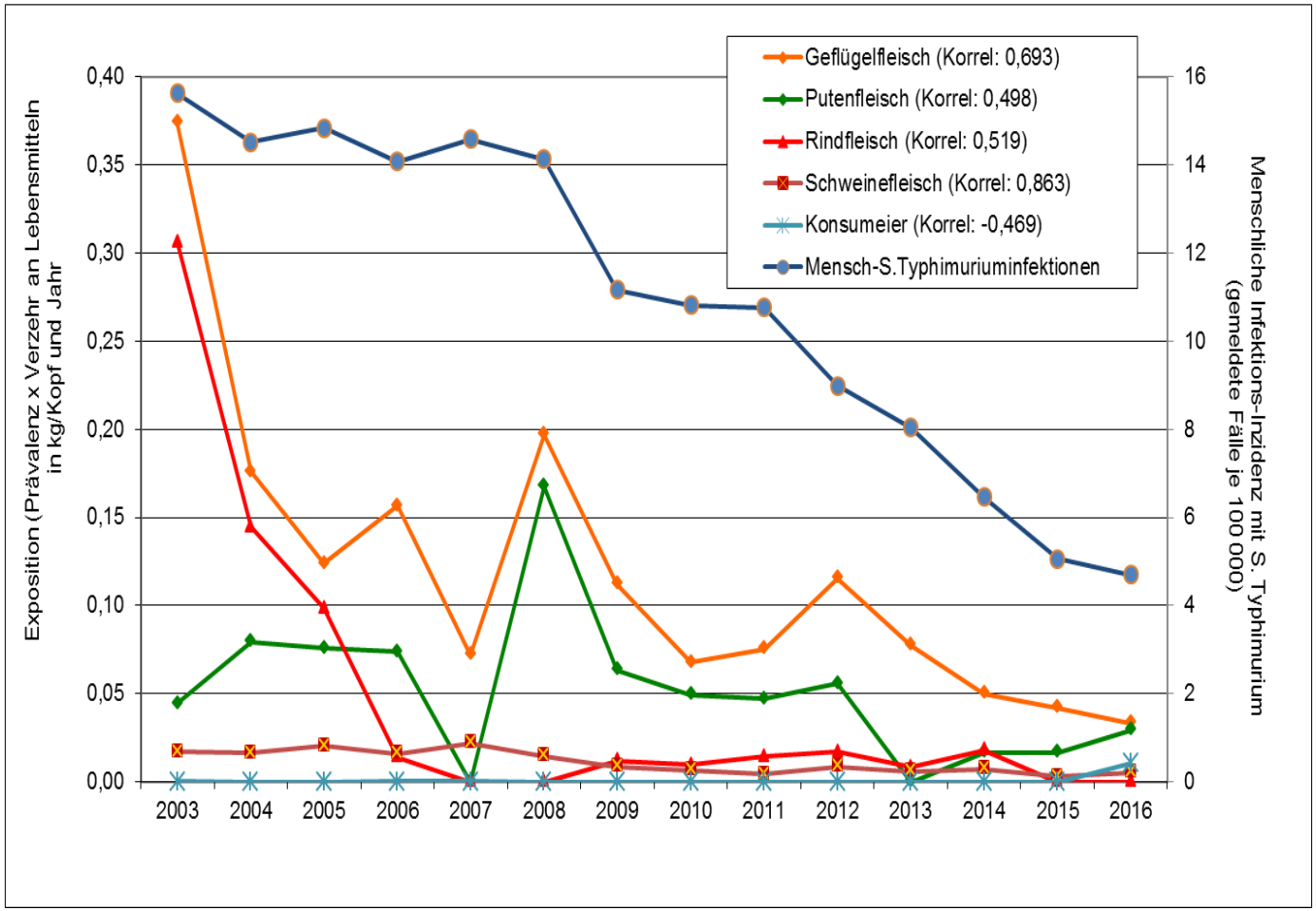

Abb. 4.1.10: Expositions-Trendanalyse: Korrelation menschlicher Infektionen mit *S.* Typhimurium und der Exposition mit *S.* Typhimurium durch kontaminierte Lebensmittel 2003–2016 (Quellen: BfR, RKI, BLE; vgl. Text)

4.1.6 Mitteilungen der Länder über die Ergebnisse bei Schlachthofuntersuchungen

Die bakteriologischen Fleischuntersuchungen („BU, gesamt“; Tab. 4.1.8) ergaben im Mittel in 0,61 % der Proben positive Resultate (2015: 0,39 %). Dabei lag die *Salmonella*-Nachweisrate bei Rinder-Schlachtteilen bei 0,43 % (2015: 0,12 %) und bei Schweine-Schlachtteilen bei 0,78 % (2015: 0,65 %). Die *Salmonella*-Nachweisrate ist sowohl bei Rinder-Schlachtteilen als auch bei Schweine-Schlachtteilen angestiegen. Bei Schweinen wurde überwiegend *S.* Typhimurium isoliert, *S.* Enteritidis wurde nicht nachgewiesen. Bei Rindern wurden *S.* Typhimurium, *S.* Muenster, *S.* Dublin und in einer Probe *S.* Enteritidis gefunden.

Bei der Beprobung auf Veranlassung der Lebensmittelunternehmer nach der Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 wurden in 0,93 % der untersuchten 30.718 Schlachtkörperproben vom Schwein Salmonellen gefunden. *S.* Typhimurium wurde am häufigsten (0,06 %) vor *S.* Derby und *S.* Livingstone isoliert.

Im Rahmen der *Salmonella*-Monitorings der Firma QS GmbH wurden 2016 1.618.178 Schweine aus 22.836 Betrieben serologisch auf Salmonellenantikörper untersucht (QS, 2017). Von diesen waren 13,2 % positiv (2014: 14,7%, QS 2015). Gemäß den Vorgaben der Schweinesalmonellenverordnung wurden 73,2 % der Betriebe in Salmonellenkategorie 1 eingestuft (< 20% serologisch positive Proben), 18,1 % in Kategorie 2 (20–40% serologisch positive Proben) und 2,7 % in Kategorie 3 (> 40 % serologisch positive Proben) (QS, 2017).

4.1.7 *Salmonella* spp. bei Tieren

Untersuchungen zu Salmonellen bei Tieren wurden im Rahmen der *Salmonella*-Bekämpfungsprogramme beim Geflügel auf der Grundlage der Verordnung (EG) Nr. 2160/2003, im Rahmen des Zoonosen-Monitorings (s. Kapitel 4.1.1) und im Rahmen weiterer Untersuchungen durch die Länderbehörden durchgeführt. Im Folgenden werden zunächst die Ergebnisse der Bekämpfungsprogramme dargestellt, gefolgt von den Mitteilungen der Länder über Untersuchungen bei Tieren.

4.1.7.1 *Salmonella*-Bekämpfungsprogramme gemäß Verordnung (EG) Nr. 2160/2003

4.1.7.1.1 Einleitung

Im Rahmen des EU-weiten Programms zur Bekämpfung von Salmonellen erstellen die Mitgliedstaaten jährlich einen Bericht über den Anteil der *Salmonella*-positiven Herden bei Zuchtgeflügel (*Gallus gallus*), Legehennen, Masthähnchen sowie Zucht- und Mastputen. Für den nationalen Bericht übermitteln die Bundesländer seit 2007 ihre Untersuchungsergebnisse zur Auswertung an die zuständige Bundesbehörde. Der Bericht zum Bekämpfungsprogramm wird auf Grundlage dieser Daten jährlich vom Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) erstellt.

Die Auswertung der Daten zeigt für das Jahr 2016 im Vergleich zum Vorjahr eine ansteigende Nachweisrate (Prävalenz) für Salmonellen bei Legehennen, einen zunehmenden Trend bei Masthähnchen, Zuchtputen und Mastputen und eine stabile oder rückläufige Nachweisrate bei Zuchthühnern und Legehennen. Bezogen auf die bekämpfungsrelevanten *Salmonella*-Serovare wurden bei allen berücksichtigten Geflügelgruppen außer bei Zuchtputen die Bekämpfungsziele erreicht. Gemäß den Vorgaben im Gemeinschaftsrecht sollten bei maximal 1 % bzw. 2 % (Legehennen) der untersuchten Herden bekämpfungsrelevante *Salmonella*-Serovare nachweisbar sein.

4.1.7.1.2 Rechtsgrundlage für die Berichterstattung

Artikel 9 Abs. 1 der Richtlinie 2003/99/EG sieht vor, dass jährlich im Bericht über Entwicklungstendenzen und Quellen von Zoonosen, Zoonoseerregern und Antibiotikaresistenzen auch die Daten zur Bewertung der nationalen Bekämpfungsprogramme gemäß Verordnung (EG) Nr. 2160/2003 veröffentlicht werden.

4.1.7.1.3 Ergebnisse

4.1.7.1.3.1 Salmonellen-Bekämpfungsprogramm beim Zuchtgeflügel (*Gallus gallus*)

Gemäß VO (EU) Nr. 200/2010 wurden insgesamt 868 Herden von Zuchthühnern für alle Untersuchungsgründe zusammen (auf Betreiben des Lebensmittelunternehmers und/oder im Rahmen der amtlichen Überwachung) während der Legephase untersucht (Tab. 4.1.3). Die Nachweisraten für *Salmonella* spp. (Summe aller Serovare) und für die fünf bekämpfungsrelevanten Serovare (Top 5[1]) aus den Jahren 2007 bis 2016 sind in Abb. 4.1.11 zusammengefasst.

Tab. 4.1.3: Untersuchung von Zuchthühnern (*Gallus gallus*) nach VO (EU) Nr. 200/2010 im Jahr 2016

	Herden	*Salmonella*		*S.*Enteritidis		*S.*Typhimurium		Top 5	
	Unters.	positiv	%	positiv	%	positiv	%	positiv	%
Alle Zuchtlinien, gesamt									
Beprobung (gesamt)	**868**	**11**	**1,3**	**0**	**0,0**	**3**	**0,3**	**4**	**0,5**
Hiervon: Beprobung auf Betreiben des Unternehmers	773	7	0,9	0	0,0	0	0,0	0	**0,0**
Hiervon: Beprobung im Rahmen der amtl. Überwachung	851	7	0,8	0	0,0	3	0,4	**4**	**0,5**
darunter Legehuhn-Eltern-Zucht									
Beprobung (gesamt)	**202**	**2**	**1,0**	**0**	**0,0**	**1**	**0,5**	**1**	**0,5**
Hiervon: Beprobung auf Betreiben des Unternehmers	202	1	0,5	0	0,0	0	0,0	0	**0,0**
Hiervon: Beprobung im Rahmen der amtl. Überwachung	201	1	0,5	0	0,0	1	0,5	**1**	**0,5**
darunter Masthuhn-Eltern-Zucht									
Beprobung (gesamt)	**430**	**9**	**2,1**	**0**	**0,0**	**2**	**0,5**	**3**	**0,7**
Hiervon: Beprobung auf Betreiben des Unternehmers	341	6	1,8	0	0,0	0	0,0	0	0,0
Hiervon: Beprobung im Rahmen der amtl. Überwachung	419	6	1,4	0	0,0	2	0,5	3	0,7

Top 5: *S.* Enteritidis, *S.* Typhimurium, *S.* Hadar, *S.* Infantis, *S.* Virchow

Bei 11 (1,3 %) Herden wurde in 2016 ein positiver *Salmonella*-Nachweis geführt (Tab. 4.1.3). Bei vier (0,5 %) positiven Herden (2015: fünf Herden, 0,6 %) wurde eines der fünf bekämpfungsrelevanten Serovare nachgewiesen. Dabei handelte es sich in drei Herden um den Nachweis von *S.* Typhimurium und in einer Herde um *S.* Infantis. Im Vorjahr handelte es sich in allen Fällen um *S.* Enteritidis. Die Serovare *S.* Hadar und *S.* Virchow wurden wie in den Vorjahren nicht nachgewiesen. *S.* Typhimurium war in früheren Jahren, mit Ausnahme von 2015, nachgewiesen worden. In 2015 lag der Anteil der Herden von Zuchthühnern mit einem

[1] Top 5: *S.* Enteritidis, *S.* Typhimurium (inklusive der monophasischen Variante), *S.* Infantis, *S.* Hadar, *S.* Virchow

Salmonellennachweis bei 2,2 %. In 2016 setzte sich somit der seit 2013 beobachtete rückläufige Trend wieder fort. Auffällige Serovare der letzten Jahre, wie z.B. *S.* Infantis und *S.* Enteritidis, wurden 2016 nicht berichtet.

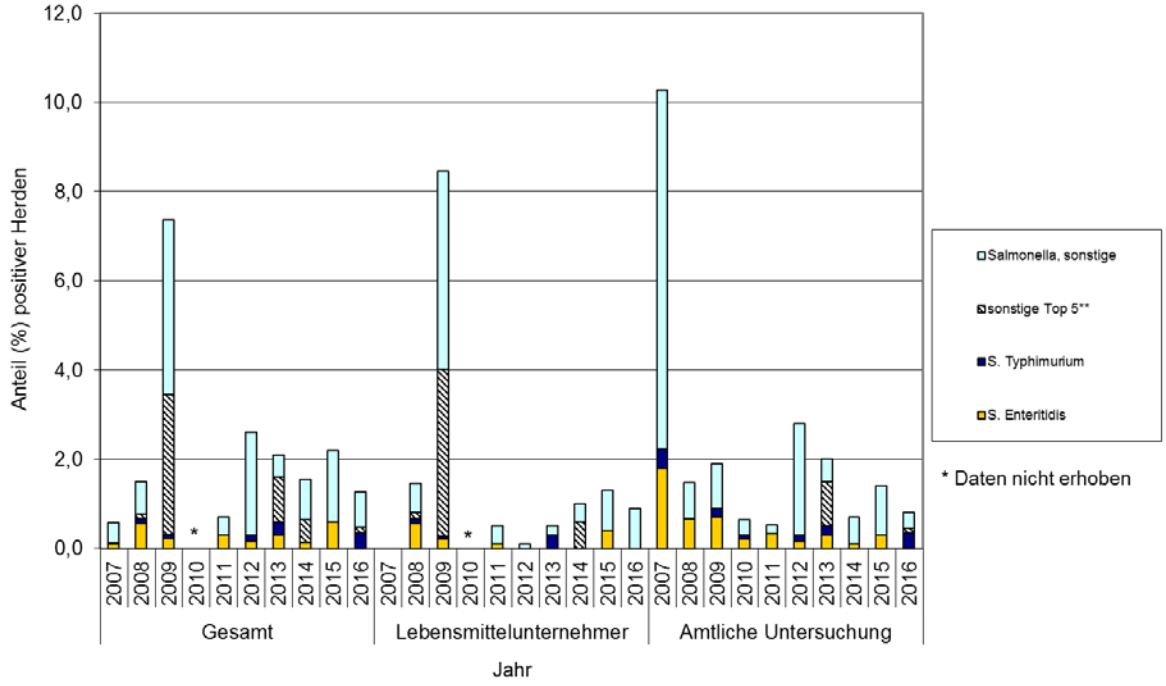

Abb. 4.1.11: Anteil Herden von Zuchthühnern (*Gallus gallus*), bei denen *Salmonella* spp. (Summe aller Serovare) oder einer der Top-5-Serovare nachgewiesen wurde, getrennt nach Untersuchungsgrund und Jahren (sonstige Top 5 = *S.* Hadar, *S.* Infantis, *S.* Virchow)**

Im Rahmen der **amtlichen Überwachung** wurden insgesamt 851 Herden von Zuchthühnern untersucht (2015: 703). Bei sieben (0,8 %) Herden wurde in 2016 ein positiver *Salmonella*-Nachweis geführt (Tab. 4.1.3). Im Vergleich zum Vorjahr (2015: zehn Herden, 1,4 %) konnte ein Rückgang der Nachweisrate beobachtet werden, auch wenn das Niveau aus 2014 (0,7 %) nicht erreicht wurde. Bei insgesamt vier Herden (0,5 %; 2015: zwei Herden, 0,3 %) erfolgte im Rahmen der amtlichen Untersuchung der Nachweis eines bekämpfungsrelevanten Serovars.

2016 wurden insgesamt 25 Urgroßeltern- und 211 Großelterntierherden untersucht. In keiner dieser Herden wurden Salmonellen nachgewiesen. Im Vorjahr war bei vier Großelterntierherden ein *Salmonella*-Nachweis geführt worden, in drei Herden handelte es sich um *S.* Enteritidis. Im Gegensatz hierzu waren 2014 eine Herde mit *S.* Enteritidis, 2013 Nachweise von *S.* Typhimurium sowie 2012 und 2011 für diese Produktionsstufen keine positiven Nachweise berichtet worden.

Eine Spezifikation im Hinblick auf die Nutzungsrichtung (Legerichtung, Mastrichtung) wurde für alle Elterntierherden vorgenommen (Tab. 4.1.3) In zwei (1,0 %) der 202 Elterntierherden der Legerichtung (Legehuhn-Eltern-Zucht) und neun (2,1 %) der 430 Elterntierherden der Mastrichtung (Masthuhn-Eltern-Zucht) wurden Salmonellen nachgewiesen. Bei drei (0,7 %) Elterntierherden der Mastrichtung sowie einer (0,5 %) Herde der Legerichtung handelte es sich um Nachweise von bekämpfungsrelevanten Serovaren. Bei Elterntierherden der Mastrichtung wurde in zwei Herden *S.* Typhimurium und in einer Herde *S.* Infantis nachgewiesen. Bei Elterntierherden der Legerichtung wurde ein Nachweis von *S.* Typhimurium berichtet. Somit unterscheidet sich die Situation im Vergleich zum Vorjahr. In 2015 waren jeweils bei einer Elterntierherde der Mastrichtung bzw. der Legerichtung das bekämpfungsrelevante

Serovar *S.* Enteritidis gefunden worden. Der 2015 bei Elterntierherden der Legerichtung beobachtete Anstieg des Anteils der *Salmonella*-Nachweise von 1,7 % auf 6,1 % hat sich 2016 nicht fortgesetzt, es wurde das Niveau von 2014 unterschritten. Bei den Elterntierherden der Mastrichtung stieg die *Salmonella*-Nachweisrate mit 2,1 % im Vergleich zu 1,9 % 2014 und 1,6 % 2015 leicht an.

Die positiven Nachweise bei den Elterntierherden der Legerichtung bzw. Mastrichtung erfolgten im Rahmen der amtlichen Untersuchungen und/oder bei Beprobungen auf Betreiben des Unternehmers. Die beiden Nachweise bekämpfungsrelevanter Serovare wurden jeweils im Rahmen der amtlichen Untersuchung berichtet

Im Rahmen der Untersuchung von Zuchtgeflügel (*Gallus gallus*) während der Aufzucht wurden Ergebnisse zu insgesamt 183 untersuchten Herden berichtet. Der vorwiegende Anteil der Beprobung erfolgte hierbei auf Betreiben des Unternehmers. Wie im Vorjahr wurde bei keiner Herde während der Aufzuchtphase von Elterntierherden ein positiver *Salmonella*-Befund berichtet.

4.1.7.1.3.2 *Salmonella*-Bekämpfungsprogramm bei Legehennen

Insgesamt wurden 5.543 Herden gemäß VO (EU) Nr. 517/2011 im Jahr 2016 untersucht und bei 100 (1,8 %) Herden ein positiver *Salmonella*-Nachweis geführt (Tab. 4.1.4). Im Vergleich zum Vorjahr (2,2 %) ist somit ein Rückgang der Nachweisrate zu verzeichnen; allerdings lag in den Jahren 2014 und 2012 dieser Anteil niedriger (2014: 1,4%, 2012: 1,6 %). Bei 72 (1,3 %) Legehennenherden (2015: 70 Herden, 1,2 %) wurden *S.* Enteritidis oder *S.* Typhimurium in der Legephase nachgewiesen. *S.* Enteritidis wurde bei 54 (1,0 %; 2015: 0,8 %) und *S.* Typhimurium bei 18 (0,3 %; 2015, 0,4 %) der untersuchten Herden nachgewiesen. Es wird deutlich, dass nur die Nachweise von *S.* Enteritidis zugenommen haben.

Im Rahmen der **amtlichen Überwachung** wurden in 2016 bei 66 (2,2 %) der 2.969 Legehennenherden in der Legephase *Salmonella* spp. nachgewiesen. Bei 54 (1,8 %) der Herden wurden *S.* Enteritidis oder *S.* Typhimurium nachgewiesen. Bei 38 (1,3 %) Herden wurde *S.* Enteritidis isoliert, bei 16 (0,5 %) Herden *S.* Typhimurium. 2015 waren im Rahmen der amtlichen Überwachung bei 3,9 % der Legehennenherden *Salmonella* spp. und bei 2,5 % der Herden *S.* Enteritidis oder *S.* Typhimurium nachgewiesen worden. Somit ist für die Gesamtrate sowie für die beiden bekämpfungsrelevanten Serovare im Rahmen der amtlichen Überwachung ein Rückgang im Vergleich zum Vorjahr zu verzeichnen, allerdings wurde das Niveau von 2014 nicht wieder erreicht.

Die Nachweisraten bei Legehennenherden während der Legephase aus den Jahren 2008 bis 2016 für *Salmonella* spp. (Summe aller Serovare), sowie für die Serovare *S.* Enteritidis und *S.* Typhimurium sind in Abb. 4.1.12, getrennt für die verschiedenen Untersuchungsgründe, zusammengefasst.

Tab. 4.1.4: Untersuchung von Legehennen (*Gallus gallus*) nach VO (EG) Nr. 517/2011 im Jahr 2016

	Herden	*Salmonella*		*S.* Enteritidis		*S.*Typhimurium		*S.*Enteritidis / *S.*Typhimurium	
	Unters.	positiv	%	positiv	%	positiv	%	positiv	%
Beprobung (gesamt)	**5.543**	**100**	**1,8**	**54**	**1,0**	**18**	**0,3**	**72**	**1,3**
Hiervon: Beprobung auf Betreiben des Unternehmers	5.396	49	0,9	18	0,3	10	0,2	28	0,5
Hiervon: Beprobung im Rahmen der amtl. Überwachung	2.969	66	2,2	38	1,3	16	0,5	54	1,8
hiervon: Routinebeprobung im Rahmen der amtl. Überwachung	2.886	50	1,7	25	0,9	14	0,5	39	1,4
hiervon: Verdachts- und Verfolgsuntersuchung im Rahmen der amtl. Überwachung	83	16	19,3	13	15,7	2	2,4	15	18,1

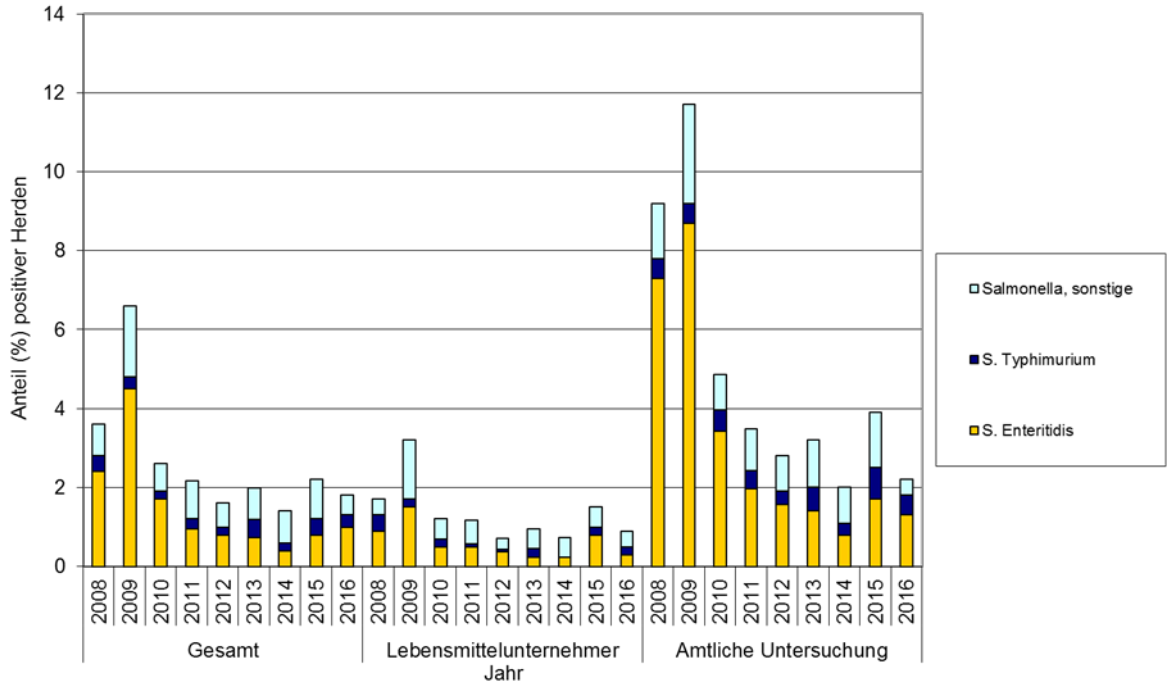

Abb. 4.1.12: Anteil der Legehennenherden während der Legephase, bei denen *Salmonella* spp. nachgewiesen wurden (Summe aller untersuchten Herden), getrennt nach Untersuchungsgrund für die Jahre 2008 bis 2016

2016 erfolgten amtliche Untersuchungen in 83 Fällen als Verdachts- und/oder Verfolgsuntersuchung. Bei 16 dieser Herden wurde dabei der Nachweis von *Salmonella* spp. erbracht (Tab. 4.1.4).

Bei der Untersuchung von Legehennen während der Aufzucht wurden bei keiner der insgesamt 606 untersuchten Herden ein Nachweis von Salmonellen berichtet, im Vorjahr lag diese

Nachweisrate bei 1,2 %. Hierbei handelte es sich bei den Nachweisen 2016, wie auch in früheren Jahren beobachtet, nicht um bekämpfungsrelevante Serovare.

4.1.7.1.3.3 *Salmonella*-Bekämpfungsprogramm bei Masthähnchen

Insgesamt wurden 23.653 Herden untersucht. Bei 568 (2,4 %) Herden wurde ein positiver *Salmonella*-Nachweis geführt (Tab. 4.1.5). 2016 waren 2,0 % der untersuchten Herden positiv für *Salmonella* spp.

S. Enteritidis oder *S.* Typhimurium wurden 2016 bei zwölf (0,1 %) Herden nachgewiesen. Hierbei handelte es sich in zwei (0,01 %) Herden um *S.* Enteritidis und in zehn (0,04 %) Herden um *S.* Typhimurium. Somit wurde für die beiden bekämpfungsrelevanten Serovare *S.* Enteritidis oder *S.* Typhimurium das Niveau der Jahre vor 2014 wieder erreicht (Abbildung 4.1.13).

Tab. 4.1.5: Untersuchung von Masthähnchen (*Gallus gallus*) nach VO (EG) Nr. 200/2012 im Jahr 2016

	Herden	*Salmonella*		*S.*Enteritidis		*S.*Typhimurium		*S.*Enteritidis/ *S.*Typhimurium	
	Unters.	positiv	%	positiv	%	positiv	%	positiv	%
Beprobung (gesamt)	**23.653**	**568**	**2,4**	**2**	**0,01**	**10**	**0,04**	**12**	**0,1**
Hiervon: Beprobung auf Betreiben des Unternehmers	23.647	559	2,4	2	0,01	10	0,04	12	0,1
Hiervon: Beprobung im Rahmen der amtl. Überwachung	403	27	6,7	2	0,5	2	0,5	4	1,0

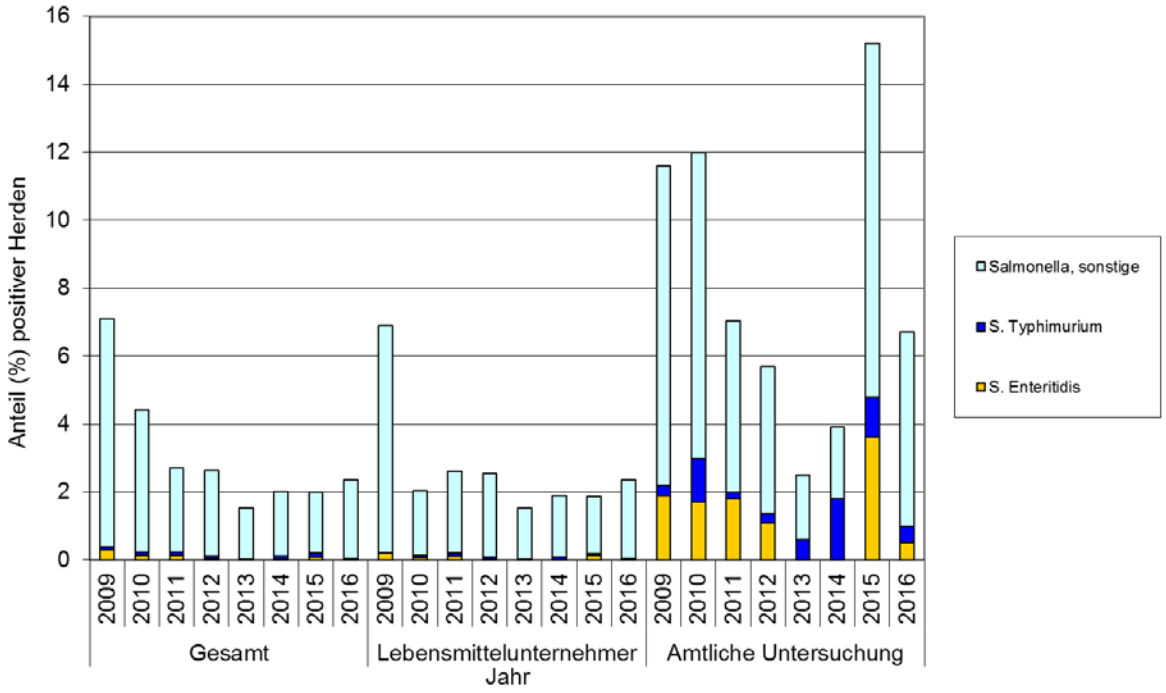

Abb. 4.1.13. Anteil der Masthähnchenherden, bei denen 2009 bis 2016 *Salmonella* spp. nachgewiesen wurden

Betrachtet man die Nachweisraten im Rahmen der Eigenkontrollen und der amtlichen Untersuchung getrennt, so setzte sich die seit 2014 steigende Tendenz der positiven Nachweise im Rahmen der amtlichen Untersuchung nicht fort. Entsprechend der Vorgaben der Verordnung wurde nur ein geringer Anteil aller Herden im Rahmen der amtlichen Überwachung untersucht. Hierbei wurden im Vergleich zum Vorjahr 2016 nicht so häufig Salmonellen (6,7 %) isoliert. Der Unterschied zwischen den Nachweisraten in der amtlichen Untersuchung im Vergleich zu den Eigenkontrollen war auch 2016 zu beobachten (Abb. 4.1.13).

4.1.7.1.3.4 *Salmonella*-Bekämpfungsprogramm bei Zuchtputen

Insgesamt wurden Untersuchungen von 91 Zuchtputenherden gemeldet. Von diesen Herden waren 2016 vier (4,4 %) Herden positiv für *Salmonella* spp. Bei zwei (2,2 %) Herden von Zuchtputen wurden bekämpfungsrelevante Serovare nachgewiesen, in beiden Fällen handelte es sich um *S.* Typhimurium. 2015 war kein positiver Fund berichtet worden. In den Vorjahren waren jeweils einige wenige positive Herden beobachtet worden (Abb. 4.1.14).

Während der Aufzucht wurde bei keiner der insgesamt 46 untersuchten Herden ein Nachweis von Salmonellen berichtet. Letztmalig war 2013 der Nachweis eines nicht bekämpfungsrelevanten Serovars bei dieser Tiergruppe berichtet worden.

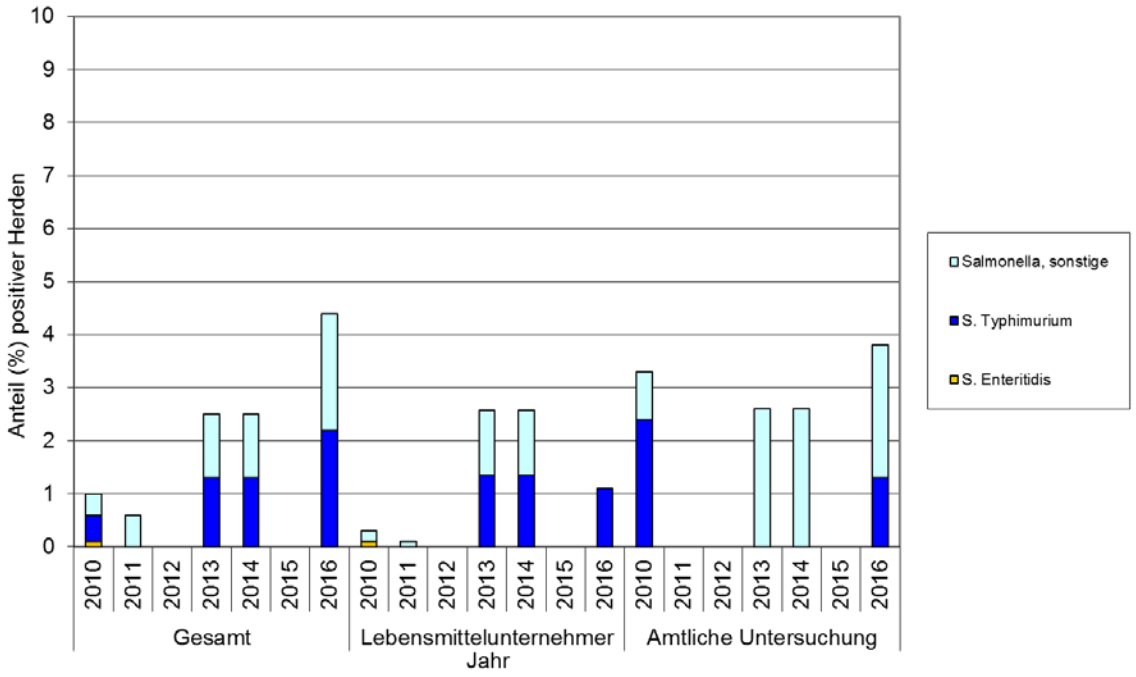

Abb. 4.1.14. Anteil der Zuchtputenherden, bei denen von 2010 bis 2016 *Salmonella* spp. nachgewiesen wurden

4.1.7.1.3.5 *Salmonella*-Bekämpfungsprogramm bei Mastputen

Insgesamt kamen 4.410 Mastputenherden zur Untersuchung gemäß VO (EU) Nr. 1190/2012 (Tab. 4.1.6). Von diesen Herden waren 43 (1,0 %) positiv für *Salmonella* spp. 2016 wurde *S.* Typhimurium (25 Herden, 0,6 %), aber nicht *S.* Enteritidis nachgewiesen. Im Vorjahr waren 0,6 % der untersuchten Mastputenherden positiv und beide bekämpfungsrelevanten Serovare, *S.* Enteritidis bzw. *S.* Typhimurium, waren nachgewiesen worden (Abb. 4.1.15). Im Vergleich zum Vorjahr ist die Nachweisrate für *Salmonella* spp. insgesamt sowie für *S.* Typhimurium angestiegen.

Tab. 4.1.6: Untersuchung von Mastputen nach VO (EG) Nr. 1190/2012 im Jahr 2016

	Herden	*Salmonella*		*S.*Enteritidis		*S.*Typhimurium		*S.*Enteritidis / *S.*Typhimurium	
	Unters.	positiv	%	positiv	%	positiv	%	positiv	%
Beprobung (gesamt)	4410	43	1,0	0	0,00	25	0,6	25	0,6
Hiervon: Beprobung auf Betreiben des Unternehmers	4402	33	0,7	0	0,00	19	0,4	19	0,4
Hiervon: Beprobung im Rahmen der amtl. Überwachung	224	29	12,9	0	0,0	25	11,2	25	11,2

Bei den amtlichen Untersuchungen ist der Anteil *Salmonella*-positiver Herden (12,9 %) im Vergleich zu den Vorjahren (4,1 % in 2015; 1,6 % in 2014; 3,9 % in 2013) deutlich angestiegen.

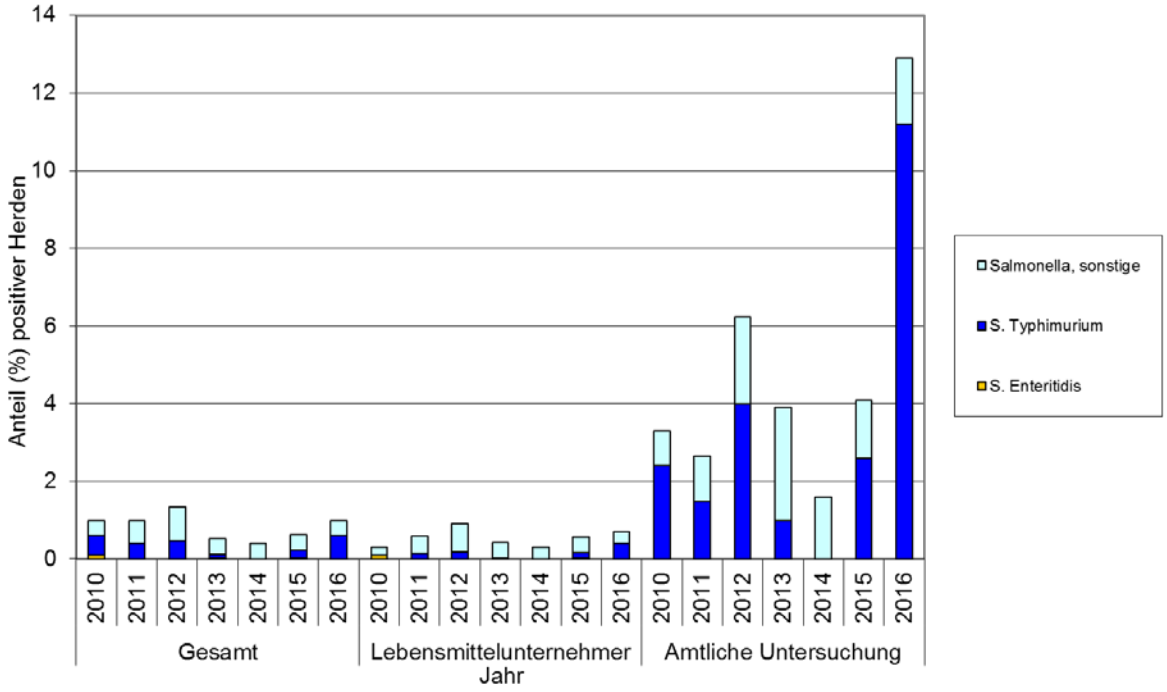

Abb. 4.1.15. Anteil der Mastputenherden, bei denen von 2010 bis 2016 *Salmonella* spp. nachgewiesen wurden

4.1.7.1.4 Zusammenfassung *Salmonella*-Bekämpfungsprogramme beim Geflügel

Die von Seiten der Länder übermittelten Ergebnisse der Untersuchung im Rahmen der Bekämpfungsprogramme nach VO (EG) Nr. 2160/2003 wurden auf Bundesebene für die Berichterstattung zusammengefasst. Sie dokumentieren für 2016 im Vergleich zum Vorjahr eine ansteigende *Salmonella*-Prävalenz bei Masthähnchen, Zuchtputen und Mastputen und eine stabile oder rückläufige Nachweisrate bei Zuchthühnern und Legehennen. Bezogen auf die bekämpfungsrelevanten Serovare, wurde für alle, außer Zuchtputen, in den Bekämpfungsprogrammen berücksichtigten Geflügelgruppen der Gemeinschaftszielwert erreicht. Für Zuchthühner, Masthähnchen sowie Mastputen konnte jeweils eine Prävalenz unter 1 % für die bekämpfungsrelevanten Serovare erzielt werden, für Legehennen lag die Prävalenz unter

dem Zielwert von 2 %. Bei 2,2 % der Zuchtputenherden wurde ein bekämpfungsrelevantes Serovar nachgewiesen und somit der Gemeinschaftszielwert überschritten.

2016 dominierten bei den bekämpfungsrelevanten Serovaren Nachweise von *S.* Typhimurium. Eine weitere Verbreitung von *S.* Infantis oder *S.* Enteritidis, wie in Vorjahren beobachtet, wurde nicht nachgewiesen.

Bei Herden von Legehennen ist 2016 ein Rückgang der *Salmonella*-Prävalenz zu verzeichnen, nachdem 2015 die *Salmonella*-Prävalenz vergleichbar mit der im Jahr 2013 war. Wie bereits im Vorjahr bebachtet, wurde erneut häufiger *S.* Enteritidis in der Legephase nachgewiesen. Für *S.* Typhimurium setzte sich dieser Trend nicht fort.

Bei Masthähnchen wurde 2016 ein Anstieg der *Salmonella*-Prävalenz auf 2,4 % beobachtet, für die bekämpfungsrelevanten Serovare *S.* Enteritidis und *S.* Typhimurium war der Trend aber rückläufig. Wie in den Vorjahren dominierten bei Masthähnchen bezogen auf alle Untersuchungen die nicht bekämpfungsrelevanten Serovare. Erneut fällt die hohe Nachweisrate im Rahmen der amtlichen Untersuchung auf, die möglicherweise auf die risikoorientierte Auswahl der beprobten Herden zurückzuführen ist.

Wie in der Mehrzahl der Vorjahre wurden auch 2016 Salmonellen bei Zuchtputen nachgewiesen. Da bei zwei von 91 Herden *S.* Typhimuium isoliert wurde, konnte der Gemeinschaftszielwert von 1 % bzw. maximal einem positiven Fund für 2016 nicht erreicht werden.

Die beobachtete *Salmonella*-Prävalenz (1,0 %) ist bei Mastputenbeständen 2016 angestiegen, nachdem sie in den Vorjahren auf vergleichbarem Niveau geblieben war. Auch für *S.* Typhimurium wurde ein häufigerer Nachweis beobachtet. *S.* Enteritidis wurde im Gegensatz zum Vorjahr nicht berichtet.

4.1.7.2 Mitteilungen der Länder über *Salmonella*-Nachweise bei Tieren in Deutschland

4.1.7.2.1 Geflügel

Ergänzend zur Erhebung der Ergebnisse der Bekämpfungsprogramme für Geflügel werden auch die Ergebnisse von *Salmonella*-Untersuchungen bei Geflügel in den Ländern erfasst und dargestellt (Tab. 4.1.19). Diese Ergebnisse sind aber nicht vergleichbar mit den Ergebnissen aus den Bekämpfungsprogrammen, da die hier vorgestellten Angaben auch weitere Untersuchungen von anderen Probenarten, kleineren Tiergruppen, von Jungtieren und von anderen Tierhaltungen, die nicht in das Bekämpfungsprogramm einbezogen werden, beinhalten können. Zudem erfolgt keine Trennung zwischen amtlichen Untersuchungen und Untersuchungen auf Veranlassung der Lebensmittelunternehmer.

2016 teilten die Länder Untersuchungen aus 6.620 Legehennen-Herden und von 72.686 Legehennen mit. Dabei wurden 1,8 % der Herden (2015: 3,0 %) und 0,2 % der Tiere als *Salmonella*-positiv (2015: 1,2 %) ermittelt. Bei positiven Herden wurden zu 58 % *S.* Enteritidis und zu 23 % *S.* Typhimurium nachgewiesen.

Bei den Masthähnchen wurden Proben von 4.856 Herden und von 5.553 Einzeltieren untersucht. Die Untersuchungen der Herden ergaben eine *Salmonella*-Nachweisrate von 1,2 % (2015: 0,9 %), wobei hauptsächlich *S.* Infantis (36 % der Isolate), gefolgt von *S.* Enteritidis, *S.* Ohio und *S*. Typhimurium isoliert wurden. Bei Einzeltieruntersuchungen wurden in 1,0 % (2015: 0,8 %) der Proben Salmonellen nachgewiesen, wobei *S.* Enteritidis und *S.* Typhimurium vor S. Paratyphi, meist var. Java, und *S.* Infantis jeweils in wenigen Fällen isoliert wurden. Die überwiegende Zahl der positiven *Salmonella*-Nachweise wurde nicht typisiert.

Bei 6,1 % der untersuchten Herden von **Enten** wurden Salmonellen festgestellt (2015: 4,1 %; Tab. 4.1.19). 50 % der *Salmonella*-Isolate waren *S*. Typhimurium, gefolgt von *S.* Meleagridis. Bei 1,8 % der untersuchten Einzeltiere ergaben sich positive Nachweise (2015: 0,8 %). *S.* Typhimurium wurde bei 24 % der Isolate identifiziert, gefolgt von *S.* Enteritidis (zwei Isolate).

Bei 14,1 % der untersuchten **Gänseherden** wurden Salmonellen nachgewiesen. Dieser Wert liegt im Vergleich zum Vorjahr deutlich höher (2015: 5,6 %; Tab. 4.1.19). Bei Einzeltieren lag der Anteil positiver Nachweise mit 11,7 % ebenfalls höher als im Vorjahr (2015: 5,9 %). Bei positiven Gänseherden wurden überwiegend *S.* Typhimurium und *S.* Enteritidis (zwei Isolate) nachgewiesen. Bei Einzeltieren wurde S.Typhimurium in 77 % der Isolate und *S.* Enteritidis in zwei Proben gefunden.

Im Vergleich zum Vorjahr wurden mit 1.597 Herden häufiger Untersuchungen von **Truthühnern und Puten** berichtet (2015: 776; Tab. 4.1.19). Dabei erwiesen sich 1,6 % der Herden als *Salmonella*-positiv (2015: 1,3 %). Die Einzeltieruntersuchungen ergaben wie im Vorjahr eine Nachweisrate von 1,5 %.

Bei Reisetauben (Tab. 4.1.20) erhöhte sich die *Salmonella*-Nachweisrate gegenüber dem Vorjahr leicht auf 10,9 % (2015: 9,8 %). Bei Tauben ist wie in den Vorjahren überwiegend *S.* Typhimurium (85 % der isolierten Salmonellen, 2015: 85 %) festgestellt worden. Dieses Serovar wurde auch bei den übrigen Vögeln am häufigsten isoliert. *S.* Enteritidis wurde bei Heimvögeln, Zoovögeln und Wildvögeln gefunden.

4.1.7.2.2 Säuger-Nutztiere und andere Tierarten

Die überwiegende Zahl der Untersuchungen von Nutztieren wurde wie in den Vorjahren bei Rindern durchgeführt (Tab. 4.1.21). *Salmonella*-Befunde bei Rindern sind nach der Rindersalmonellose-Verordnung anzeigepflichtig. Andere (Nutz-)Tierarten werden häufig in den betroffenen Beständen mit untersucht (Rindersalmonellose-VO, § 3 [2], Tab. 4.1.21-4.2.24). Nach der Rindersalmonellose-Verordnung wurden 2016 100 Neuausbrüche von Rindersalmonellose angezeigt und damit deutlich mehr als in den Vorjahren (2015: 66; FLI, 2017).

Die berichteten Untersuchungen bei **Rinder**herden ergaben eine *Salmonella*-Nachweisrate von 2,3 % der untersuchten Herden (2015: 2,5 %) und von 5,8 % bei Einzeltieren (2015: 4,0 %). *S.* Typhimurium wurde bei 41 % der nachgewiesenen Salmonellen von Herden mitgeteilt, gefolgt von *S.* Dublin und *S.* Enteritidis. Bei Einzeltieruntersuchungen wurde *S.* Typhimurium bei 51 % der nachgewiesenen Salmonellen gefunden. Daneben wurden *S.* Enteritidis und *S.* Infantis isoliert. Bei Milchrindern machte *S.* Typhimurium die Hälfte der nachgewiesenen Salmonellen aus.

Die Untersuchungen in **Schweine**herden (Tab. 4.1.22) zeigten gegenüber dem Vorjahr eine gleichgebliebene *Salmonella*-Nachweisrate von 17,9 % der untersuchten Herden (2015: 18,0 %). Bei den Untersuchungen der Einzeltiere wurden 9,5 % positive Proben berichtet (2015: 9,9 %). Bei Zuchtschweinen sank die *Salmonella*-Nachweisrate auf 0,6 % (2015: 5,7 %), wobei *S.* Typhimurium isoliert wurde.

Zu **serologischen** Untersuchungen von Einzeltieren haben sieben Länder Ergebnisse mitgeteilt. Es wurden bei 17,3 % der über 14.000 Einzeltieruntersuchungen *Salmonella*-Antikörper nachgewiesen (2015: 19,7 %).

Die Untersuchungsergebnisse zu Proben von **anderen Nutztieren** sind in der Tab. 4.1.24 zusammengefasst. In 11,6 % der untersuchten Schafherden wurden Salmonellen nachgewiesen (2015: 7,8 %). Bei den untersuchten Ziegenherden wurden *Salmonella*-Nachweise

mit 1,1 % seltener mitgeteilt (2015: 3,1 %). Bei Pferdeherden wurden Salmonellen ebenfalls seltener gefunden (2016: 1,5%; 2015: 5,3 %). Bei Einzeltieruntersuchungen wurden bei 7,0 % der Schafe (2015: 6,9 %), bei 1,6 % der Ziegen (2015: 2,3 %) und bei 0,7 % der Pferde (2015: 3,0 %) Salmonellen gefunden. Bei Ziegen und Pferden lagen die Nachweisraten unter dem Vorjahreswert. *S.* Enteritidis wurde bei Kaninchen isoliert. Bei Schafen wurden am häufigsten *Salmonella*-Serovare der Gruppe IIIb isoliert. *S.* Typhimurium wurde bei allen aufgeführten Nutztieren außer Fischen isoliert.

Bei **Hunden** wurden mit 2,8 % (2015: 2,7 %) und bei **Katzen** mit 2,1 % (2015: 2,2 %) (Tab. 4.1.24) mit dem Vorjahr vergleichbare *Salmonella*-Nachweisraten ermittelt. *S.* Typhimurium wurde bei Hunden in 47 % (2015: 44 %) und *S.* Enteritidis wie im Vorjahr in 8 % (2015: 8 %) der positiven Funde isoliert. Bei Katzen wurde *S.* Typhimurium in 63 % der positiven Funde (2015: 48 %) und *S.* Enteritidis in 19 % (2015: 10 %) nachgewiesen.
S. Enteritidis wurde ebenfalls aus wenigen Zootieren und Reptilien berichtet. *S.* Typhimurium wurde auch bei Meerschweinchen und Kleinnagern, Reptilien sowie Zootieren gefunden. Bei Reptilien wurde *S.* Enteritidis in fünf Proben und S. Paratyphi B var. Java in vier Proben nachgewiesen. Daneben wurde noch eine Vielzahl von teilweise seltenen Serovaren bei Reptilien berichtet (Tab. 4.1.24).

Bei **Wildtieren** (Tab. 4.1.25) wurden ebenfalls *S.* Enteritidis und *S.* Typhimurium nachgewiesen. Bei Jagdwild wurden in 7,1 % der Proben positive Befunde erhoben, wovon *S.* Typhimurium über 20 % und *S.* Enteritidis 9,2 % aller Isolate ausmachten. *S.* Infantis wurde aus einer Probe isoliert. Bei Mäusen wurden *S.* Infantis und *S.* Typhimurium gefunden.

4.1.8 Mitteilungen der Länder über *Salmonella*-Nachweise bei Futtermitteln in Deutschland

4.1.8.1 Inland und Binnenmarkt

Die Ergebnisse der Untersuchung von **tierischen Futtermitteln** sind in Tab. 4.1.27 zusammengefasst. 2016 wurde in keiner von 20 untersuchten Proben von Fischmehl aus dem Inland ein positiver *Salmonella*-Nachweis geführt. Bei Tier- bzw. Fleischmehlen wurden in einer Probe (0,7 %) Salmonellen gefunden (2015: 0,6 %). Für Fleischfresser-Nahrung wurden mit 1,8 % gegenüber dem Vorjahr etwas seltener positive Proben berichtet (2015: 3,1%).

Bei den **pflanzlichen Futtermitteln** gelangen wie in den Vorjahren insbesondere bei Öl-Extraktionsschroten *Salmonella*-Nachweise. Die Nachweisrate lag bei 3,5 % (2015: 5,0 %) für Öl-Extraktionsschrote. Nachweise ergaben sich dabei insbesondere bei Rapssaaten mit 3,3 % (2015: 3,6 %) und bei Sojabohnen mit 1,6 %, wobei hier die Nachweisrate deutlich niedriger lag als im Vorjahr (2015: 18,6 %). Eine Probe von Getreide, Schrot und Mehl erwies sich positiv für *S.* Infantis. In Heu wurde ebenfalls *S.* Infantis nachgewiesen (Tab. 4.1.26).

Untersuchungen von **Mischfuttermitteln** wiesen in 2,9 % der Proben Salmonellen auf (2015: 1,1 %). Nicht pelletierte Futtermittel für Rinder zeigten 2,5 % (2015: 1,8 %) positive Proben, wobei *S.* Infantis und *S.* Typhimurium gefunden wurden. Für Proben aus Schweinefutter wurden 2016 keine *Salmonella*-Nachweise berichtet (2015: 1,9 %). Nicht pelletiertes Hühnerfutter erwies sich mit 1,5 % der Proben (2015: 0,6 %) als *Salmonella*-positiv, wobei *S.* Agona dreimal isoliert wurde. Im Gegensatz dazu wurden in keiner Probe von pelletiertem Futtermittel Salmonellen nachgewiesen. Auch aus einer Tupferprobe aus einem Futtermittelbetrieb wurde *S.* Infantis isoliert.

Berücksichtigt man den Ort der Probenahme (**Handelsstufen;** Tab. 4.1.27), so wird deutlich, dass *Salmonella*-Nachweise bei Mischfutter überwiegend bei Proben aus dem landwirtschaftlichen Betrieb (vgl. Abb. 4.1.16) geführt wurden. Dies trifft für Futtermittel für Rinder

und Hühnerfutter zu. Bei den Öl-Extraktionsschroten wurden Salmonellen hauptsächlich in den Rohmaterialien nachgewiesen.

4.1.8.2 Importe aus Drittländern

Futtermittel tierischer Herkunft wurden, wie in den Vorjahren, hauptsächlich als **Fischmehl** importiert (Tab. 4.1.28). Für 2016 wurde von Bremen und Hamburg über Importe von Fischmehl berichtet.

Bei 3,8 % der Fischmehlsendungen wurden Salmonellen nachgewiesen. Diese Nachweisrate lag deutlich unter dem Wert aus dem Vorjahr (2015: 15,9 %). Insgesamt 15.592 Tonnen (t) importiertes Fischmehl waren *Salmonella*-positiv (2015: 99.190 t). Fischmehl wurde aus neun Staaten importiert. Positive Sendungen stammten aus Peru, Marokko, Mauretanien, Panama und USA. 8,6 % der Sendungen aus Marokko (2015: 36 %) erwiesen sich als *Salmonella*-positiv. Den mengenmäßig größten Anteil der Importe machten wieder die Importe aus Peru mit 61.430 t aus (2015: 39.672), wobei in 2,1 % der Sendungen Salmonellen gefunden wurden (2015: 8,1 %). In Abb. 4.1.17 sind die Anteile der positiven Fischmehllieferungen für die einzelnen Herkunftsstaaten aufgeführt.

Bei den in Hamburg untersuchten Sendungen importierter **Fleischfresser-Nahrung** wurden ebenfalls *Salmonella*-Belastungen festgestellt. Die positiven Sendungen stammten aus Indien und der Türkei. Aus einer Sendung wurde *S.* Typhimurium isoliert. In Abb. 4.1.18 sind die Anteile der positiven Lieferungen von Fleischfresser-Nahrung je Herkunftsstaat aufgeführt.
Aus **Tiermehlen** aus Neuseeland wurde *S.* Brandenburg isoliert.

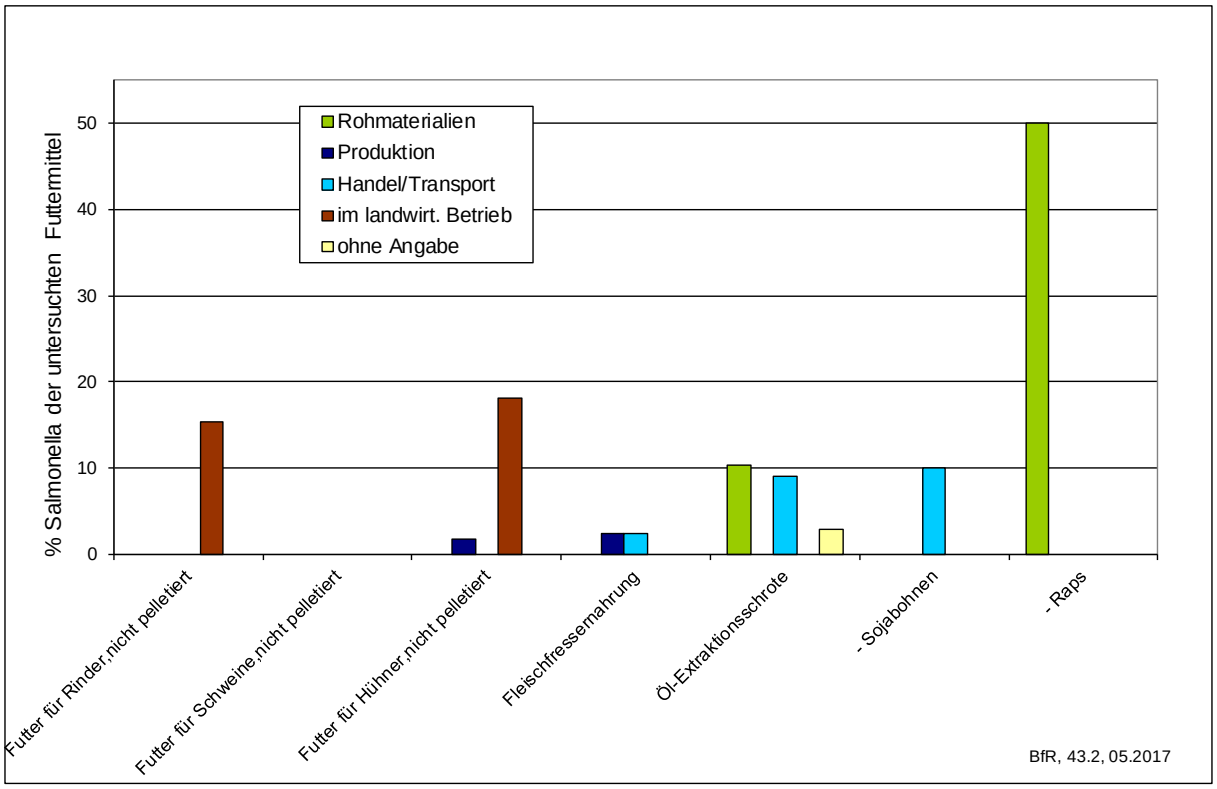

Abb. 4.1.16: *Salmonella*-Nachweisraten in Futtermitteln 2016, getrennt dargestellt nach Behandlungsstufen

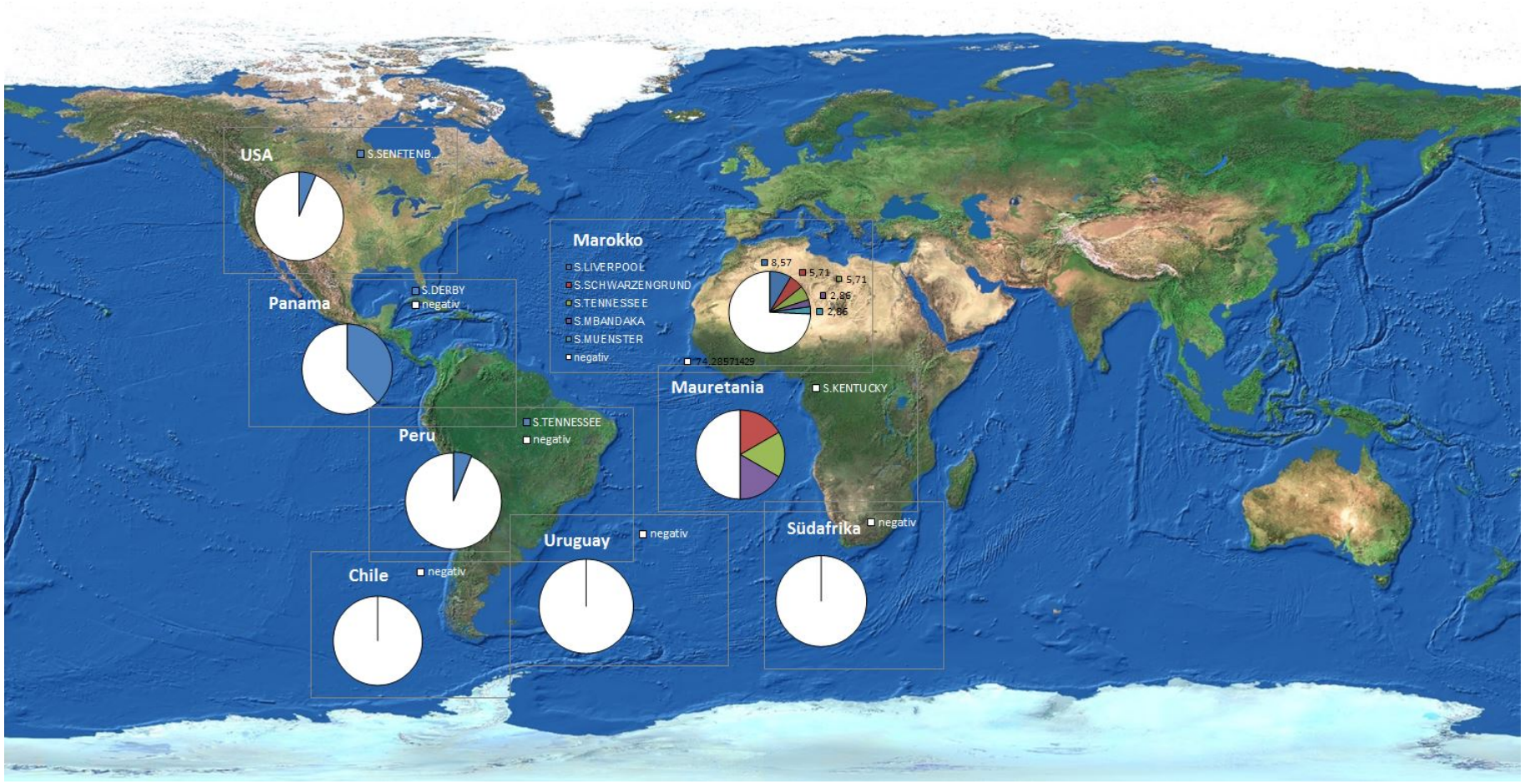

Abb. 4.1.17: *Salmonella*-Nachweisraten in Fischmehl-Importen in 2016, getrennt dargestellt nach Importstaat

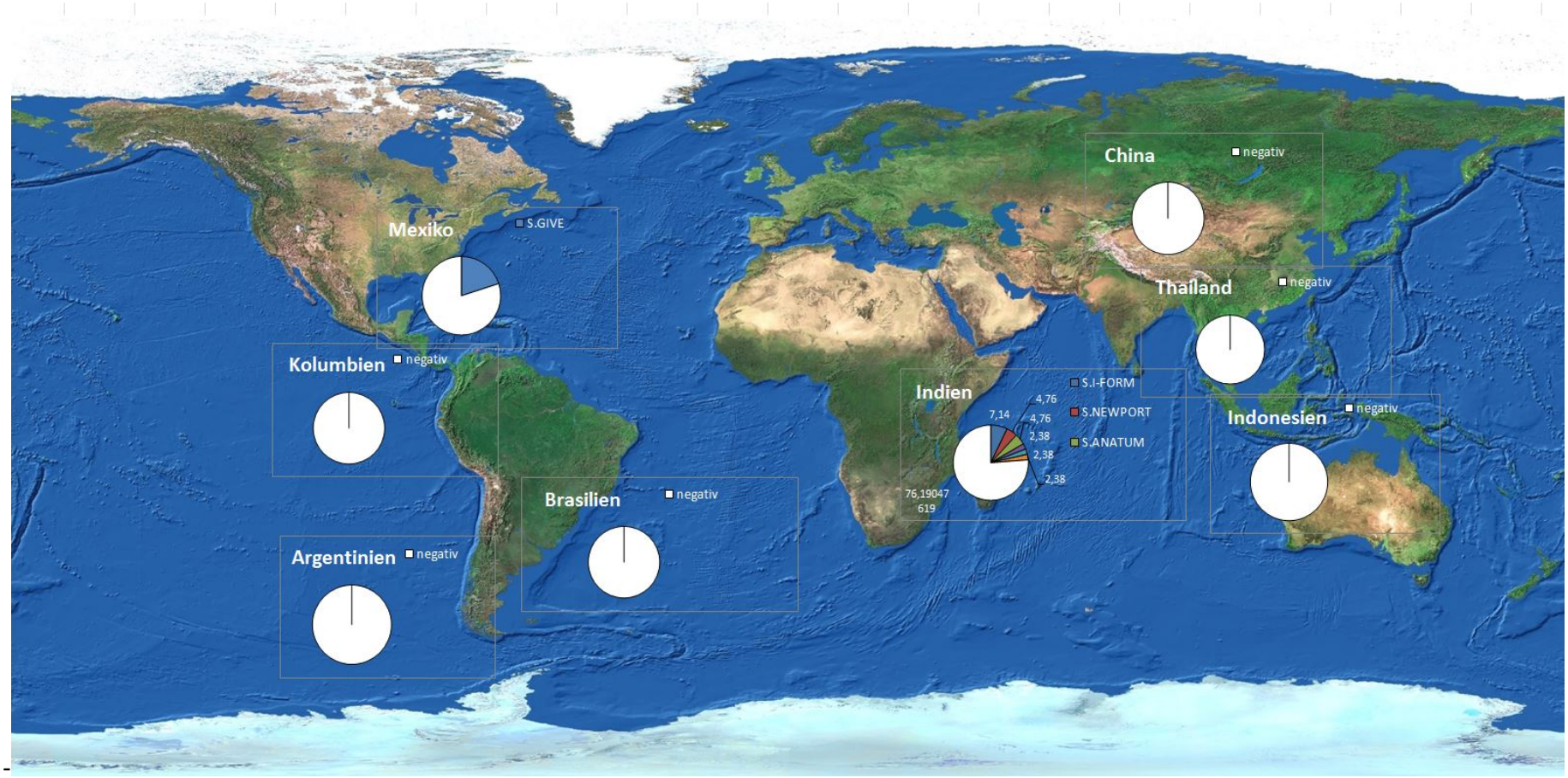

Abb. 4.1.18: *Salmonella*-Nachweisraten in Fleischfresserfutter-Importen 2016, getrennt dargestellt nach Importstaat

4.1.9 Mitteilungen der Länder über *Salmonella*-Nachweise aus der Umwelt in Deutschland

In Tab. 4.1.29 sind die von den Ländern für 2016 mitgeteilten Untersuchungen von Umweltproben zusammengefasst. Aus Umgebungsproben, Stallungen und Gehegen wurde *Salmonella* spp. mit 3,0 % nachgewiesen (2015: 1,8 %). Kompost wurde in fünf Ländern untersucht, wobei Salmonellen wie im Vorjahr nicht nachgewiesen wurden. Tierische Düngemittel aus drei Ländern wiesen in 45 % Salmonellen auf (2015: 80 %). *S.* Typhimurium wurde aus Umgebungsproben, tierischen Düngemitteln und sonstigen Umweltproben nachgewiesen. *S.* Enteritidis konnte aus Umgebungsproben, *S.* Infantis aus sonstigen Umweltproben isoliert werden.

4.1.10 Übergreifende Betrachtung

Die Zahl gemeldeter Salmonellosefälle beim Menschen war in Deutschland auch 2016 rückläufig. Dies galt in Deutschland auch für die durch *S.* Enteritidis und die durch *S.* Typhimurium verursachten Krankheitsfälle, während die Zahl der Erkrankungen durch andere Serovare leicht zunahm (RKI, 2017, Abb. 4.1.1). Diese Entwicklung steht im Gegensatz zur Situation in Europa, wo nach Jahren des Rückgangs die Zahl der gemeldeten Fälle humaner Salmonellosen 2015 und 2016 wieder angestiegen ist (EFSA u. ECDC, 2017). *S.* Typhimurium und *S.* Enteritidis waren nach wie vor die in Deutschland mit Abstand am häufigsten identifizierten Serovare beim Menschen. Für *S*. Infantis wurde ein Anstieg des Anteils (2,9 %) an allen typisierten *Salmonella*-Infektionen beobachtet.

Die gesunkene Anzahl von Salmonellosen des Menschen in den letzten Jahren ging mit einer deutlich verringerten Nachweisrate in Geflügelbeständen und bei Konsumeiern einher. Im Jahr 2016 konnte allerdings, wie schon 2015, gegenüber den Vorjahren keine Reduktion des Anteils positiver Herden mehr beobachtet werden. Einem leichten Rückgang bei den Zuchthühnern und Legehennen steht 2016 ein Anstieg bei Masthähnchen und Puten gegenüber. Der Anteil positiver Herden lag jedoch in allen untersuchten Geflügelpopulationen deutlich unter den Werten, die zu Beginn der *Salmonella*-Bekämpfungsprogramme ermittelt wurden.

Salmonellen kommen nach wie vor auch bei anderen Nutztieren wie z.B. Rindern und Schweinen, aber auch bei Gänsen und Enten vor. Allerdings erfolgt hier nicht in jedem Jahr eine systematische Erhebung der Prävalenz. Beim Rind wurden in 2016 im Vergleich zu 2015 deutlich mehr Ausbrüche der Rindersalmonellose angezeigt.

Wie in den Vorjahren wurden im Geflügelfleisch deutlich häufiger Salmonellen nachgewiesen als im Fleisch anderer Nutztierarten. Dies spiegelte sich in den Mitteilungen der Länder wie auch in den Ergebnissen im Zoonosen-Monitoring zur Kontamination von Hähnchen- und Putenfleisch bzw. Rind- und Schweinefleisch wider. In nur 0,08 % der Planproben von Konsumeiern wurden Salmonellen nachgewiesen und auch in Anlassproben waren Salmonellen sehr selten.

S. Typhimurium dominierte bei Rind- und Schweinefleisch, während bei Hähnchen- und Putenfleisch andere Serovare im Vordergrund standen. Beim Hähnchenfleisch war in den Meldungen der Länder und im Zoonosen-Monitoring *S.* Infantis das häufigste Serovar, gefolgt von *S.* Paratyphi B (var. Java) und *S.* Enteritidis. Bei Putenfleisch war *S.* Paratyphi B (var. Java) das häufigste Serovar in der Überwachung. Im Monitoring dominierte jedoch *S*. Hadar, vor allem auf Schlachtkörpern von Puten.

Pflanzliche Lebensmittel waren nur in Ausnahmefällen positiv für *Salmonella* spp. Vereinzelte *Salmonella*-Befunde gab es im Rahmen der Lebensmittel-Überwachung und im Zoonosen-Monitoring bei Sprossgemüse, Gewürzen und Ölsaaten.

Die *Salmonella*-Belastung bei importiertem Fischmehl hat sich gegenüber dem Vorjahr deutlich verringert. Bei pflanzlichen Futtermitteln, insbesondere Ölsaaten aus dem Inland, konnten wie in den Vorjahren Salmonellen nachgewiesen werden.

Auch Heim-, Wild- und Zootiere kommen als Reservoir für Salmonellen in Betracht. Insbesondere bei Reptilien wurden häufig Salmonellen festgestellt (35,4 %). Auf das von diesen Tieren insbesondere für Kinder ausgehende Risiko ist vom Robert Koch Institut hingewiesen worden (Rabsch, 2013). Einerseits können die Tiere durch Lebensmittelreste oder andere Futtermittel infiziert werden, andererseits können sie z.B. über Beutetiere (Nager, Insekten) Salmonellen aufnehmen und in die menschliche Umgebung bringen. Die mögliche Bedeutung von Wildtieren als Reservoir für Nutztiere zeigte sich auch bei der Untersuchung von Kotproben erlegter Wildschweine, die zu 2,3 % Salmonellen aufwiesen, darunter auch *S.* Enteritidis.

4.1.11 Literatur

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

BMEL (2017): Statistisches Jahrbuch über Ernährung, Landwirtschaft und Forsten der Bundesrepublik Deutschland 2017. Landwirtschaftsverlag GMBH, Münster-Hiltrup, 585 S.

EFSA und ECDC (2017): The European Union Summary Report on Trends and Sources of Zoonose and zoonotic agents, www.efsa.europa.eu

FLI (2017): Tiergesundheitsjahresbericht 2016. Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems, 167 S. (http://www.fli.bund.de)

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

QS (2017): Zahlen, Daten, Fakten. Fleisch und Fleischwaren im QS-System 2016. https://www.q-s.de/presse-newsroom/qs-report.html

Rabsch, W. (2013): *Salmonella*-Infektionen bei Säuglingen und Kleinkindern durch Kontakt zu exotischen Reptilien. Epidemiologisches Bulletin 71–79.

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

4.1.12 Datentabellen zu den Mitteilungen der Länder über *Salmonella*-Nachweise bei Lebensmitteln, Tieren, Futtermitteln und Umweltproben in Deutschland

Tab. 4.1.7: Schlachthofuntersuchungen 2016 – *SALMONELLA*[1]

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abweichung	Konfidenzintervall (%)	siehe Anmerk.
*)	Länder								
Bakteriologische Fleischuntersuchung (BU), gesamt									
11 (17)	NW,RP,	SALMONELLA	10858	66	0,61		±0,15	0,46–0,75	1),2)
	HE,BY,	S.TYPHIMURIUM	..	38	0,35	62,30	±0,11	0,24–0,46	2)
	SH,MV,	S.MUENSTER	..	9	0,08	14,75	±0,05	0,03–0,14	
	BW,SN,	S.MUENCHEN	..	3	0,03	4,92	±0,03	0,00–0,06	
	BB,ST,TH	S.DERBY	..	3	0,03	4,92	±0,03	0,00–0,06	
		S.DUBLIN	..	2	0,02	3,28	±0,03	0,00–0,04	
		S.I-FORM	..	2	0,02	3,28	±0,03	0,00–0,04	3)
		S.ENTERITIDIS	..	1	0,01	1,64	±0,02	0,00–0,03	
		S.IIIB-FORM	..	1	0,01	1,64	±0,02	0,00–0,03	
		S.ABONY	..	1	0,01	1,64	±0,02	0,00–0,03	2)
		S.-GRUPPE B	..	1	0,01	1,64	±0,02	0,00–0,03	4)
		fehlende (missing)	..	5					
Rinder – BU									
11 (17)	NW,RP,HE,	SALMONELLA	5132	22	0,43		±0,18	0,25–0,61	1),2)
	BY,SH,MV,	S.MUENSTER	..	9	0,18	42,86	±0,11	0,06–0,29	
	BW,SN,BB,	S.TYPHIMURIUM	..	7	0,14	33,33	±0,10	0,04–0,24	2)
	ST,TH	S.DUBLIN	..	2	0,04	9,52	±0,05	0,00–0,09	
		S.ENTERITIDIS	..	1	0,02	4,76	±0,04	0,00–0,06	
		S.IIIB-FORM	..	1	0,02	4,76	±0,04	0,00–0,06	
		S.ABONY	..	1	0,02	4,76	±0,04	0,00–0,06	2)
		fehlende (missing)	..	1					
Kälber – BU									
5 (8)	HE,BY,MV, SN,TH	SALMONELLA	29	0					
Schafe – BU									
5 (5)	RP,HE,BY, MV,SN	SALMONELLA	58	0					
Schweine – BU									
11 (12)	RP,HE,BY,	SALMONELLA	5635	44	0,78		±0,23	0,55–1,01	
	SH,NW,MV,	S.TYPHIMURIUM	..	31	0,55	77,05	±0,19	0,36–0,74	
	BW,SN,BB,	S.MUENCHEN	..	3	0,05	7,50	±0,06	0,00–0,11	
	ST,TH	S.DERBY	..	3	0,05	7,50	±0,06	0,00–0,11	
		S.I-FORM	..	2	0,04	5,00	±0,05	0,00–0,08	3)
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	0,02	2,50	±0,03	0,00–0,05	4)
		fehlende (missing)	..	4					
Schweine-Schlachtkörper VO (EG) 2073/2005									
14 (18)	SN,HE,RP,	SALMONELLA	30718	286	0,93		±0,11	0,82–1,04	7)–23)
	HB,BB,BW,	S.TYPHIMURIUM	..	19	0,06	30,16	±0,03	0,03–0,09	23)
	BY,MV,NI,	S., sp.	..	19	0,06	30,16	±0,03	0,03–0,09	
	NW,SH,SL,	S.DERBY	..	12	0,04	19,05	±0,02	0,02–0,06	23)
	ST,TH	S.LIVINGSTONE	..	7	0,02	11,11	±0,02	0,01–0,04	23)
		S.TYPHIMURIUM, monophasisch	..	3	0,01	4,76	±0,01	0,00–0,02	
		S.INFANTIS	..	1	< 0,005	1,59	±0,01	0,00–0,01	23)
		S.VIRCHOW	..	1	< 0,005	1,59	±0,01	0,00–0,01	
		S.BRANDENBURG	..	1	< 0,005	1,59	±0,01	0,00–0,01	
		fehlende (missing)	..	223					

[1] Vgl. Erläuterungen unter Methoden (cf. methods).

Fortsetzung Tab. 4.1.7: Schlachthofuntersuchungen 2016 – SALMONELLA1

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abweichung	Konfidenzintervall (%)	siehe Anmerk.
*)	Länder								
Tupferproben in Schlachtbetrieben									
3 (3)	MV,ST,TH	SALMONELLA	3931	5	0,13		±0,11	0,02–0,24	24)
		S.TYPHIMURIUM	..	1	0,03		±0,05	0,00–0,08	
		S.ANATUM	..	1	0,03		±0,05	0,00–0,08	
		S.DERBY	..	1	0,03		±0,05	0,00–0,08	
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	0,03		±0,05	0,00–0,08	
		S.SENFTENBERG	..	1	0,03		±0,05	0,00–0,08	

Anmerkungen

1) BY: Schlachttieruntersuchung bzw. Fleischbeschau
2) BW: Differenzierung von Keimen nach Einsendung der Kulturmedien durch anderes Labor
3) ST: S. Subspec. I Rauhform
4) TH: Gr. B 4 ; subspec.I Rauhform 1
5) BY: untersucht gemäß Schweine-Salmonellen-Verordnung
6) TH: Serogruppen B, C, D und E; cut off 40%
7) SN: 130 TSD Schweine 2016, 226 Betriebe, 1 Stanzprobe und Kratzschwamm, 63 Stanzprobe
8) HE: 388 Betriebe
9) BW: keine Überschreitung von 3 Nachweisen je 50 Proben
10) BY: SH Erlangen
11) BY: Stanzprobe
12) BY: SH Hof
13) BY: SH Helmbrechts
14) BY: SH Bamberg
15) BY: div. Metzger
16) BY: SH München
17) BY: Einzeleinsendungen, des SH
18) NI: Untersuchungsmethode unbekannt
19) NW: Verletzungen des Prozess-Hygiene-Kriteriums
20) SL: Schlachthof 1
21) SL: Schlachthof 2
22) SL: Schlachthof 3
23) ST: Schlachthofkürzel: ES 691, 12 Einsendungen zu je 10 Proben, 2 Einsendungen zu je 31 Proben Einsender VLÜA zur Kontrolle der betriebseigenen Kontrollen gem. VO (2073/2005)
24) ST: Tupferproben aus Entenschlachtbetrieb zur Kontrolle Reinigung und Desinfektion

[1] Vgl. Erläuterungen unter Methoden (cf. methods).

Tab. 4.1.8: Fleisch und Erzeugnisse, Planproben 2016 – *SALMONELLA*[1]

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	siehe
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	Anmerk.
Fleisch ohne Geflügel, gesamt									
12 (17)	NW,HE,BY,HH,	SALMONELLA	2549	49	1,92		±0,53	1,39–2,46	3),4),5)
	SH,RP,NI,MV,	S.TYPHIMURIUM	..	10	0,39	38,46	±0,24	0,15–0,63	1),3)
	SN,ST,BB,TH	S.DERBY	..	6	0,24	23,08	±0,19	0,05–0,42	2),3)
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	3	0,12	11,54	±0,13	0,00–0,25	
		S.I-RAUHFORM	..	2	0,08	7,69	±0,11	0,00–0,19	
		S.DUBLIN	..	1	0,04	3,85	±0,08	0,00–0,12	
		S.INFANTIS	..	1	0,04	3,85	±0,08	0,00–0,12	
		S.BRANDENBURG	..	1	0,04	3,85	±0,08	0,00–0,12	
		S.II-FORM	..	1	0,04	3,85	±0,08	0,00–0,12	
		S.CHOLERAESUIS	..	1	0,04	3,85	±0,08	0,00–0,12	
		fehlende (missing)	..	23	1,49				
Rindfleisch									
10 (16)	NW,BY,HH,SH,	SALMONELLA	549	2	0,36		±0,50	0,00–0,87	3)
	NI,MV,SN,ST,	S.DUBLIN	..	1	0,18		±0,36	0,00–0,54	
	RP,TH	fehlende (missing)	..	1	0,18				
Kalbfleisch									
6 (9)	HH,SH,NI,SN,	SALMONELLA	62	1	1,61		±3,14	0,00–4,75	3)
	NW,ST	S.TYPHIMURIUM	..	1	1,61		±3,14	0,00–4,75	
Schweinefleisch									
12 (17)	NW,HE,BY,HH,	SALMONELLA	1584	38	2,40		±0,75	1,65–3,15	3),4)
	SH,RP,NI,MV,	S.TYPHIMURIUM	..	9	0,57	42,86	±0,37	0,20–0,94	3)
	SN,ST,BB,TH	S.DERBY	..	6	0,38	28,57	±0,30	0,08–0,68	2),3)
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	2	0,13	9,52	±0,17	0,00–0,30	
		S.I-RAUHFORM	..	2	0,13	9,52	±0,17	0,00–0,30	
		S.INFANTIS	..	1	0,06	4,76	±0,12	0,00–0,19	
		S.BRANDENBURG	..	1	0,06	4,76	±0,12	0,00–0,19	
		fehlende (missing)	..	17	1,77				
Schaffleisch									
8 (11)	HH,SH,MV,SN,	SALMONELLA	74	1	1,35		±2,63	0,00–3,98	3)
	NI,NW,ST,RP	S.TYPHIMURIUM	..	1	1,35		±2,63	0,00–3,98	1)
Pferdefleisch									
3 (3)	SN,ST,TH	SALMONELLA	10	0					3)
Hauskaninchenfleisch									
3 (4)	SN,NW,ST	SALMONELLA	14	0					3)
Fleisch v. Hirschen & Rehen									
3 (5)	NI,NW,ST	SALMONELLA	35	0					3)
Wildwiederkäuerfleisch									
5 (5)	BY,NW,NI,MV,	SALMONELLA	28	1	3,57		±6,87	0,00–10,45	
	SN	S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	3,57		±6,87	0,00–10,45	
Fleisch v. Wildschwein									
3 (7)	NI,NW,ST	SALMONELLA	52	1	1,92		±3,73	0,00–5,66	3)
		fehlende (missing)	..	1					
Wildfleisch, sonst									
7 (8)	HE,BY,SH,NI,	SALMONELLA	64	2	3,13		±4,26	0,00–7,39	
	MV,SN,TH	S.II-FORM	..	1	1,56		±3,04	0,00–4,60	
		S.CHOLERAESUIS	..	1	1,56		±3,04	0,00–4,60	

[1] Vgl. Erläuterungen im Anhang 1 (cf. remarks in Annex 1).

Fortsetzung Tab. 4.1.8: Fleisch und Erzeugnisse, Planproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	siehe
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	Anmerk.
Fleischteilstücke, roh, küchenmäßig vorbereitet									
12 (16)	BY,HH,SH,HE,	SALMONELLA	502	7	1,39		±1,03	0,37–2,42	3)
	RP,BW,MV,SN,	S.DERBY	..	2	0,40		±0,55	0,00–0,95	
	NI,NW,ST,TH	S.TYPHIMURIUM	..	1	0,20		±0,39	0,00–0,59	
		fehlende (missing)	..	4					
aus Schweinefleisch									
11 (15)	BY,HH,SH,HE,	SALMONELLA	452	7	1,55		±1,14	0,41–2,69	
	NI,BW,MV,SN,	S.DERBY	..	2	0,44		±0,61	0,00–1,05	
	NW,RP,TH	S.TYPHIMURIUM	..	1	0,22		±0,43	0,00–0,65	
		fehlende (missing)	..	4					
aus Rindfleisch									
9 (11)	HH,SH,NI,BW, MV,SN,NW,RP ,TH	SALMONELLA	45	0					
Fleischerzeugnisse ohne Wurst									
4 (6)	NI,NW,ST,RP	SALMONELLA	77	4	5,19		±4,96	0,24–10,15	3)
		S.ENTERITIDIS	..	1	1,30		±2,53	0,00–3,83	3)
		fehlende (missing)	..	3					
Rohfleisch, zerkleinert (Stücke bis 100 g)									
11 (16)	HE,BY,HH,SH,	SALMONELLA	398	9	2,26		±1,46	0,80–3,72	3)
	RP,NI,MV,SN,	S.TYPHIMURIUM	..	3	0,75		±0,85	0,00–1,60	
	NW,ST,TH	S.STOURBRIDGE	..	1	0,25		±0,49	0,00–0,74	
		S.-GRUPPE C1-O-FORM	..	1	0,25		±0,49	0,00–0,74	
		fehlende (missing)	..	4					
aus Rindfleisch									
10 (14)	BY,HH,SH,RP,	SALMONELLA	115	2	1,74		±2,39	0,00–4,13	3)
	NI,MV,SN,NW,	S.TYPHIMURIUM	..	1	0,87		±1,70	0,00–2,57	
	ST,TH	fehlende (missing)	..	1					
aus Schweinefleisch									
10 (15)	BY,HH,SH,NI,	SALMONELLA	124	1	0,81		±1,57	0,00–2,38	3)
	MV,SN,NW,ST, RP,TH	S.TYPHIMURIUM	..	1	0,81		±1,57	0,00–2,38	
aus anderem Fleisch ohne Geflügel									
9 (12)	HH,SH,MV,SN,	SALMONELLA	55	2	3,64		±4,95	0,00–8,58	3)
	NI,NW,ST,RP, TH	S.-GRUPPE C1-O-FORM	..	1	1,82		±3,53	0,00–5,35	
		S.SAINTPAUL	..	1	1,82		±3,53	0,00–5,35	
Hackfleisch									
12 (19)	NW,HE,BY,HH,	SALMONELLA	2104	34	1,62		±0,54	1,08–2,15	3),6)
	SH,RP,MV,SN,	S.DERBY	..	6	0,29	42,86	±0,23	0,06–0,51	
	NI,ST,BE,TH	S.TYPHIMURIUM	..	4	0,19	28,57	±0,19	< 0,005–0,38	6)
		S.ENTERITIDIS	..	1	0,05	7,14	±0,09	0,00–0,14	
		S.DUBLIN	..	1	0,05	7,14	±0,09	0,00–0,14	
		S.TYPHIMURIUM O:5-	..	1	0,05		±0,09	0,00–0,14	
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	0,05	7,14	±0,09	0,00–0,14	
		S.I-FORM	..	1	0,05	7,14	±0,09	0,00–0,14	
		fehlende (missing)	..	20					
aus Rindfleisch									
10 (15)	BY,HH,SH,MV, SN,NI,NW,ST,	SALMONELLA	820	2	0,24		±0,34	0,00–0,58	3),6)
	RP,TH	S.ENTERITIDIS	..	1	0,12		±0,24	0,00–0,36	
		S.TYPHIMURIUM	..	1	0,12		±0,24	0,00–0,36	6)

Fortsetzung Tab. 4.1.8: Fleisch und Erzeugnisse, Planproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	siehe
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	Anmerk.
gemischt (Rind/Schwein)									
11 (18)	NW,BY,HH,SH,	SALMONELLA	597	15	2,51		±1,26	1,26–3,77	3)
	RP,MV,SN,NI,	S.DERBY	..	6	1,01		±0,80	0,20–1,81	
	ST,BE,TH	S.TYPHIMURIUM	..	1	0,17		±0,33	0,00–0,50	
		S.DUBLIN	..	1	0,17		±0,33	0,00–0,50	
		S.I-FORM	..	1	0,17		±0,33	0,00–0,50	
		fehlende (missing)	..	6					
aus Schweinefleisch									
11 (16)	BY,HH,SH,	SALMONELLA	492	16	3,25		±1,57	1,68–4,82	3),7)
	MV,SN,NI,NW,	S.TYPHIMURIUM	..	2	0,41		±0,56	0,00–0,97	
	ST,RP,BE,TH	S.TYPHIMURIUM O:5-	..	1	0,20		±0,40	0,00–0,60	
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	0,20		±0,40	0,00–0,60	
		fehlende (missing)	..	13					
aus anderem Fleisch ohne Geflügel									
4 (5)	BY,HH,SH,SN	SALMONELLA	27	0					
Hackfleischzubereitungen									
13 (18)	BY,HH,SH,HE,	SALMONELLA	1771	22	1,24		±0,52	0,73–1,76	3)
	NW,RP,NI,BW,	S.TYPHIMURIUM	..	9	0,51	50,00	±0,33	0,18–0,84	
	MV,SN,SL,ST,	S.DERBY	..	3	0,17	16,67	±0,19	0,00–0,36	
	TH	S.TYPHIMURIUM, monophasisch	..	1	0,06	5,56	±0,11	0,00–0,17	3)
		S.INFANTIS	..	1	0,06	5,56	±0,11	0,00–0,17	
		S.DERBY O:5-	..	1	0,06	5,56	±0,11	0,00–0,17	
		S.LONDON	..	1	0,06	5,56	±0,11	0,00–0,17	
		S.-GRUPPE B–O-FORM	..	1	0,06	5,56	±0,11	0,00–0,17	
		S.SAINTPAUL	..	1	0,06	5,56	±0,11	0,00–0,17	
		fehlende (missing)	..	4	0,67				
aus Rindfleisch									
6 (6)	HH,RP,MV,SN, NW,TH	SALMONELLA	27	0					
aus Schweinefleisch									
12 (15)	BY,HH,SH,HE,	SALMONELLA	424	4	0,94		±0,92	0,02–1,86	3)
	NW,RP,BW,	S.TYPHIMURIUM	..	1	0,24		±0,46	0,00–0,70	
	MV,SN,NI,ST,	S.DERBY O:5-	..	1	0,24		±0,46	0,00–0,70	
	TH	S.LONDON	..	1	0,24		±0,46	0,00–0,70	
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	0,24		±0,46	0,00–0,70	
Hitzebehandelte Fleischerzeugnisse									
12 (18)	HE,BY,HH,SH,	SALMONELLA	1671	1	0,06		±0,12	0,00–0,18	3)
	RP,NI,BW,MV, SN,NW,ST,TH	fehlende (missing)	..	1					
aus Rindfleisch									
8 (10)	BY,SH,BW,MV, SN,NW,RP,TH	SALMONELLA	57	0					
aus Schweinefleisch									
11 (14)	BY,SH,HE,RP,	SALMONELLA	390	1	0,26		±0,50	0,00–0,76	3)
	NI,BW,MV,SN, NW,ST,TH	fehlende (missing)	..	1					
H.F. aus anderem Fleisch ohne Geflügel									
5 (5)	HE,BY,HH,SH, SN	SALMONELLA	235	0					

Fortsetzung Tab. 4.1.8: Fleisch und Erzeugnisse, Planproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	siehe
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	Anmerk.
Anders stabilisierte Fleischerzeugnisse									
14 (19)	NW,HE,BY,HH,	SALMONELLA	3407	23	0,68		±0,27	0,40–0,95	3)
	SH,RP,NI,BW,	S.TYPHIMURIUM	..	8	0,23	53,33	±0,16	0,07–0,40	
	MV,SN,SL,ST,	S.DERBY	..	2	0,06	13,33	±0,08	0,00–0,14	
	BB,TH	S.I-RAUHFORM	..	2	0,06	13,33	±0,08	0,00–0,14	
		S.VIRCHOW	..	1	0,03	6,67	±0,06	0,00–0,09	
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	0,03	6,67	±0,06	0,00–0,09	
		S.MANHATTAN	..	1	0,03	6,67	±0,06	0,00–0,09	
		fehlende (missing)	..	8					
aus Rindfleisch									
11 (14)	BY,SH,HE,NI, BW,MV,SN, NW,ST,RP,TH	SALMONELLA	82	0					3)
aus Schweinefleisch									
12 (14)	BY,HH,SH,HE,	SALMONELLA	588	3	0,51		±0,58	0,00–1,09	3)
	NW,RP,NI,BW,	S.TYPHIMURIUM	..	1	0,17		±0,33	0,00–0,50	
	MV,SN,ST,TH	S.VIRCHOW	..	1	0,17		±0,33	0,00–0,50	
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	0,17		±0,33	0,00–0,50	
aus anderem Fleisch ohne Geflügel									
3 (3)	SH,MV,SN	SALMONELLA	35	0					
Fleischerzeugnisse in Konserven									
7 (10)	HE,SH,SN,NI, NW,ST,TH	SALMONELLA	84	0					3)

Anmerkungen

1) SH: S. Typhimurium (1),4,5,12:i:1,2
2) SH: S. Derby (1),4,12:f,g:-
3) ST,NI,BB: Probenvorbereitung g
4) ST: *Salmonella enterica enterica*
5) ST: pezielle Probenvorb
6) SH: S. Typhimurium (1),4,12:i:1,2
7) BY: VIDAS

Tab. 4.1.9: Geflügelfleisch, Fische und Erzeugnisse, Planproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abweichung	Konfidenzintervall (%)	siehe Anmerk.
*)	Länder								
Geflügelfleisch, gesamt									
12 (18)	HE,BY,HH, SH,NW,RP,	SALMONELLA	1882	113	6,00		±1,07	4,93–7,08	2),4), 6),7)
	NI,MV,SN,	S.INFANTIS	..	24	1,28	28,57	±0,51	0,77–1,78	6)
	ST,BE,TH	S.ENTERITIDIS	..	19	1,01	22,62	±0,45	0,56–1,46	2),4)
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	10	0,53	11,90	±0,33	0,20–0,86	3)–7)
		S.INDIANA	..	8	0,43	9,52	±0,29	0,13–0,72	4)
		S.TYPHIMURIUM	..	5	0,27	5,95	±0,23	0,03–0,50	
		S.SAINTPAUL	..	3	0,16	3,57	±0,18	0,00–0,34	
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	3	0,16	3,57	±0,18	0,00–0,34	4)
		S.HADAR	..	2	0,11	2,38	±0,15	0,00–0,25	
		S.BREDENEY	..	1	0,05	1,19	±0,10	0,00–0,16	
		S.HEIDELBERG	..	1	0,05	1,19	±0,10	0,00–0,16	
		S.SCHWARZENGRUND	..	1	0,05	1,19	±0,10	0,00–0,16	
		S.SAINTPAUL O:5-	..	1	0,05	1,19	±0,10	0,00–0,16	1)
		S.ANATUM	..	1	0,05	1,19	±0,10	0,00–0,16	
		S.OHIO	..	1	0,05	1,19	±0,10	0,00–0,16	4)
		S.LIVINGSTONE	..	1	0,05	1,19	±0,10	0,00–0,16	
		S.-GRUPPE C-O-FORM	..	1	0,05	1,19	±0,10	0,00–0,16	
		S.-GRUPPE C1-O-FORM	..	1	0,05	1,19	±0,10	0,00–0,16	
		S., sp.	..	1	0,05	1,19	±0,10	0,00–0,16	
		fehlende (missing)	..	29					
Fleisch v. Masthähnchen									
12 (16)	BY,HH,SH, HE,NW,RP,	SALMONELLA	952	63	6,62		±1,58	5,04–8,20	2),4), 6),7)
	MV,SN,NI,	S.INFANTIS	..	14	1,47	31,82	±0,76	0,71–2,24	6)
	ST,BE,TH	S.ENTERITIDIS	..	10	1,05	22,73	±0,65	0,40–1,70	2)
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	9	0,95	20,45	±0,61	0,33–1,56	2), 4)–7)
		S.INDIANA	..	4	0,42	9,09	±0,41	0,01–0,83	4)
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	2	0,21	4,55	±0,29	0,00–0,50	4)
		S.HEIDELBERG	..	1	0,11	2,27	±0,21	0,00–0,31	
		S.ANATUM	..	1	0,11	2,27	±0,21	0,00–0,31	
		S.OHIO	..	1	0,11	2,27	±0,21	0,00–0,31	4)
		S.LIVINGSTONE	..	1	0,11	2,27	±0,21	0,00–0,31	
		S.-GRUPPE C1-O-FORM	..	1	0,11	2,27	±0,21	0,00–0,31	
		fehlende (missing)	..	19					
Fleisch v. Hühnern									
7 (9)	BY,SH,MV,	SALMONELLA	274	24	8,76		±3,35	5,41–12,11	4),6)
	SN,NI,NW,	S.INFANTIS	..	10	3,65	41,67	±2,22	1,43–5,87	
	ST	S.ENTERITIDIS	..	7	2,55	29,17	±1,87	0,69–4,42	
		S.INDIANA	..	2	0,73	8,33	±1,01	0,00–1,74	
		S.TYPHIMURIUM	..	1	0,36	4,17	±0,71	0,00–1,08	
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	1	0,36	4,17	±0,71	0,00–1,08	
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	0,36	4,17	±0,71	0,00–1,08	
		S.-GRUPPE C-O-FORM	..	1	0,36	4,17	±0,71	0,00–1,08	
		S., sp.	..	1	0,36	4,17	±0,71	0,00–1,08	

Fortsetzung Tab. 4.1.9: Geflügelfleisch, Fische und Erzeugnisse, Planproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abweichung	Konfidenzintervall (%)	siehe Anmerk.
*)	Länder								
Fleisch v. Enten									
8 (9)	SH,MV,SN,	SALMONELLA	45	4	8,89		±8,31	0,57–17,20	6)
	NI,NW,ST, BE,TH	fehlende (missing)	..	4					
Fleisch v. Gänsen									
7 (8)	BY,SH,HE,	SALMONELLA	21	7	33,33		±20,16	13,17–53,50	6)
	SN,NI,NW,	S.INDIANA	..	2	9,52		±12,56	0,00–22,08	
	ST	S.ENTERITIDIS	..	1	4,76		±9,11	0,00–13,87	
		S.TYPHIMURIUM	..	1	4,76		±9,11	0,00–13,87	
		fehlende (missing)	..	3					
Fleisch v. Truthühnern/Puten									
11 (17)	HE,BY,HH,	SALMONELLA	629	15	2,38		±1,19	1,19–3,58	4),6)
	SH,RP,NI,	S.TYPHIMURIUM	..	3	0,48	25,00	±0,54	0,00–1,02	
	MV,SN,NW,	S.SAINTPAUL	..	3	0,48	25,00	±0,54	0,00–1,02	
	ST,TH	S.HADAR	..	2	0,32	16,67	±0,44	0,00–0,76	
		S.ENTERITIDIS	..	1	0,16	8,33	±0,31	0,00–0,47	4)
		S.BREDENEY	..	1	0,16	8,33	±0,31	0,00–0,47	
		S.SCHWARZENGRUND	..	1	0,16	8,33	±0,31	0,00–0,47	
		S.SAINTPAUL O:5-	..	1	0,16	8,33	±0,31	0,00–0,47	
		fehlende (missing)	..	3					
Fleischerzeugnisse mit Geflügelfleisch									
12 (16)	NW,HE,BY,	SALMONELLA	721	2	0,28		±0,38	0,00–0,66	6)
	HH,SH,RP,	S.KENTUCKY	..	1	0,14		±0,27	0,00–0,41	
	NI,BW,MV, SN,ST,TH	S.MANHATTAN	..	1	0,14		±0,27	0,00–0,41	
v. Masthähnchen									
8 (8)	BY,HH,SH, NW,RP,NI, MV,SN	SALMONELLA	132	0					
v. Enten									
4 (4)	HH,SH,MV, TH	SALMONELLA	19	0					
FmG. v. Truthühnern/Puten									
9 (9)	HH,SH,NW,	SALMONELLA	94	1	1,06		±2,07	0,00–3,14	
	RP,NI,BW, BY,MV,SN	S.KENTUCKY	..	1	1,06		±2,07	0,00–3,14	
Geflügelfleisch, roh, küchenmäßig vorbereitet									
12 (15)	BY,HH,SH,	SALMONELLA	586	25	4,27		±1,64	2,63–5,90	6)
	HE,RP,BW,	S.SAINTPAUL	..	6	1,02	25,00	±0,82	0,21–1,84	
	MV,SN,NI, NW,ST,TH	S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	4	0,68	16,67	±0,67	0,02–1,35	
		S.HEIDELBERG O:5-	..	4	0,68	16,67	±0,67	0,02–1,35	
		S.ENTERITIDIS	..	3	0,51	12,50	±0,58	0,00–1,09	
		S.SCHWARZENGRUND	..	3	0,51	12,50	±0,58	0,00–1,09	
		S.INFANTIS	..	1	0,17	4,17	±0,33	0,00–0,50	
		S.MINNESOTA	..	1	0,17	4,17	±0,33	0,00–0,50	
		S.OHIO	..	1	0,17	4,17	±0,33	0,00–0,50	
		S.NEWPORT	..	1	0,17	4,17	±0,33	0,00–0,50	
		fehlende (missing)	..	1					

Fortsetzung Tab. 4.1.9: Geflügelfleisch, Fische und Erzeugnisse, Planproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abweichung	Konfidenzintervall (%)	siehe Anmerk.
*)	Länder								
v. Masthähnchen									
9 (9)	BY,HH,SH,	SALMONELLA	187	8	4,28		±2,90	1,38–7,18	
	HE,RP,BW,	S.HEIDELBERG O:5-	..	4	2,14		±2,07	0,07–4,21	
	MV,SN,TH	S.ENTERITIDIS	..	1	0,53		±1,05	0,00–1,58	
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	1	0,53		±1,05	0,00–1,58	
		S.INFANTIS	..	1	0,53		±1,05	0,00–1,58	
		S.OHIO	..	1	0,53		±1,05	0,00–1,58	
v. Truthühnern/Puten									
8 (8)	BY,HH,SH,	SALMONELLA	85	10	11,76		±6,85	4,92–18,61	
	RP,BW,MV,	S.SAINTPAUL	..	6	7,06	60,00	±5,45	1,61–12,50	
	SN,TH	S.SCHWARZENGRUND	..	3	3,53	30,00	±3,92	0,00–7,45	
		S.MINNESOTA	..	1	1,18	10,00	±2,29	0,00–3,47	
Fische, Meerestiere und Erzeugnisse, gesamt									
12 (18)	HE,BY,HH,	SALMONELLA	2856	4	0,14		±0,14	< 0,005–0,28	4),6)
	SH,NW,RP, NI,BW,MV, SN,ST,TH	S.I-FORM	..	1	0,04		±0,07	0,00–0,10	
Fische und Zuschnitte									
10 (15)	BY,SH,NW, RP,NI,BW, MV,SN,ST, TH	SALMONELLA	1215	0					6),8)
Fisch, heiß geräuchert									
8 (11)	SH,NI,MV, SN,NW,ST, RP,TH	SALMONELLA	373	0					6)
Fisch, hitzebehandelt									
3 (4)	NW,ST,RP	SALMONELLA	36	0					6)
Fisch, anders haltbar gemacht									
11 (14)	BY,HH,SH, NI,BW,MV, SN,NW,ST, RP,TH	SALMONELLA	465	0					6)
Fisch, kalt geräuchert oder gebeizt									
5 (5)	SH,RP,NI, MV,TH	SALMONELLA	53	0					
Schalen-, Krusten-, ähnliche Tiere und Erzeugnisse									
12 (15)	HE,BY,HH,	SALMONELLA	681	2	0,29		±0,41	0,00–0,70	4),6)
	SH,NW,RP,	S.I-FORM	..	1	0,15		±0,29	0,00–0,43	
	NI,BW,MV, SN,HB,ST	fehlende (missing)	..	1					

Anmerkungen

1) HH: S. Saintpaul Var. O:5-
2) SH: S. Enteritidis (1),9,12:g,m:-
3) SH: S. PARATYPHI B (1),4,12:B:1,2
4) SN: AVV-Zoonose-Monitoring
5) SN: S. PARATYPHI B
6) ST: Probenvorbereitung g
7) ST: *Salmonella* Paratyphi B
8) BY: VIDAS

Tab. 4.1.10: Masthähnchenfleisch, regional, Planproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)
Fleisch vom Masthähnchen								
1 (1)	BY	SALMONELLA	2	0				
1 (1)	HH	SALMONELLA	95	3	3,16		±3,52	0,00–6,67
		S.ENTERITIDIS	..	2	2,11		±2,89	0,00–4,99
		S.HEIDELBERG	..	1	1,05		±2,05	0,00–3,10
1 (1)	SH	SALMONELLA	11	2	18,18		±22,79	0,00–40,97
		S.ENTERITIDIS	..	1	9,09		±16,99	0,00–26,08
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	1	9,09		±16,99	0,00–26,08
1 (1)	HE	SALMONELLA	1	0				
1 (1)	MV	SALMONELLA	47	1	2,13		±4,13	0,00–6,25
		S.ANATUM	..	1	2,13		±4,13	0,00–6,25
1 (1)	SN	SALMONELLA	45	10	22,22		±12,15	10,08–34,37
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	4	8,89	40,00	±8,31	0,57–17,20
		S.INDIANA	..	3	6,67	30,00	±7,29	0,00–13,95
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	2	4,44	20,00	±6,02	0,00–10,47
		S.OHIO	..	1	2,22	10,00	±4,31	0,00–6,53
1 (2)	NI	SALMONELLA	167	12	7,19		±3,92	3,27–11,10
		S.ENTERITIDIS	..	7	4,19		±3,04	1,15–7,23
		S.INFANTIS	..	2	1,20		±1,65	0,00–2,85
		fehlende (missing)	..	3				
1 (4)	NW	SALMONELLA	438	15	3,43		±1,71	1,73–5,14
		S.INFANTIS	..	8	1,83	57,14	±1,26	0,57–3,09
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	3	0,69	21,43	±0,77	0,00–1,46
		S.LIVINGSTONE	..	1	0,23	7,14	±0,45	0,00-0,68
		S.-GRUPPE C1-O-FORM	..	1	0,23	7,14	±0,45	0,00–0,68
		S.INDIANA	..	1	0,23	7,14	±0,45	0,00–0,68
		fehlende (missing)	..	1				
1 (1)	ST	SALMONELLA	85	12	14,12		±7,40	6,72–21,52
		S.INFANTIS	..	4	4,71		±4,50	0,20–9,21
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	1	1,18		±2,29	0,00–3,47
		fehlende (missing)	..	7				
1 (1)	RP	SALMONELLA	24	0				
1 (1)	BE	SALMONELLA	8	8	100		±0,00	
		fehlende (missing)	..	8				
1 (1)	TH	SALMONELLA	29	0				

Tab. 4.1.11: Konsumeier und Erzeugnisse, Planproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)	siehe An-merk.
*)	Länder								
Konsumeier vom Huhn, gesamt									
12 (17)	HE,BY,HH,	SALMONELLA	3728	3	0,08		±0,09	0,00–0,17	1)–6)
	SH,NW,RP,	S.TYPHIMURIUM	..	1	0,03		±0,05	0,00–0,08	
	NI,BW,MV, SN, ST,TH	fehlende (missing)	..	2					
aus Bodenhaltung									
8 (8)	BY,SH,NW, RP,NI,BW, MV,TH	SALMONELLA	834	0					1),2), 6)
aus Freilandhaltung									
3 (4)	BY,MV,TH	SALMONELLA	401	0					1),6)
Haltungsform unbekannt									
1 (1)	MV	SALMONELLA	64	0					
Schale									
7 (7)	BY,HH,SH, NW,RP,MV, TH	SALMONELLA	1680	0					1),2), 3),6)
Eiklar									
6 (8)	HH,NW,RP, NI,ST,TH	SALMONELLA	105	0					4),6)
Dotter									
9 (12)	BY,HH,SH, NW,RP,MV, NI,ST,TH	SALMONELLA	1935	0					1),2), 3),4), 6)
Konsumeier, anderes Geflügel									
4 (4)	HE,MV,SN, TH	SALMONELLA	25	0					
Eizubereitungen (Speisen mit Rohei)									
4 (6)	NI,NW,ST,RP	SALMONELLA	79	0					4)
Ei-Aufschlagmasse (vor Pasteurisierung)									
4 (6)	NI,NW,ST,RP	SALMONELLA	103	0					4)
Eiprodukte, verkehrsfertig									
11 (11)	BY,HH,HE,	SALMONELLA	202	1	0,50		±0,97	0,00–1,46	4)
	NW,RP,NI, SH,BW,MV, SN, ST	S.CERRO	..	1	0,50		±0,97	0,00–1,46	

Anmerkungen

1) BY: jeweils 10 Eier pro Pool, Zahl x 10
2) SH: Pool aus 5 Eiern, 1 x 5
3) SH: Pool aus je 5 Eiern, 3 x 5
4) ST,TH,NI: Probenvorbereitung g
5) RP: Poolung: jeweils 3 Eier pro Probe; 3 Eigelbe sowie 3 Eierschalen
6) TH: VIDAS in 25 g § 64 LFGB L00.00-66

Tab. 4.1.12: Konsumeier, regional, Planproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)
*)	Länder							
Konsumeier vom Huhn, gesamt								
1 (1)	BW	SALMONELLA	1	0				
1 (3)	BY	SALMONELLA	673	0				
1 (1)	HE	SALMONELLA	116	2	1,72		±2,37	0,00–4,09
		S.TYPHIMURIUM	..	1	0,86		±1,68	0,00–2,54
		fehlende (missing)	..	1				
1 (1)	HH	SALMONELLA	13	0				
1 (1)	MV	SALMONELLA	760	0				
1 (4)	NI	SALMONELLA	247	0				
1 (5)	NW	SALMONELLA	474	0				
1 (2)	RP	SALMONELLA	554	0				
1 (1)	SH	SALMONELLA	20	0				
1 (1)	SN	SALMONELLA	440	0				
1 (1)	ST	SALMONELLA	349	1	0,29		±0,56	0,00–0,85
		fehlende (missing)	..	1				
1 (2)	TH	SALMONELLA	81	0				

Tab. 4.1.13: Milch und Erzeugnisse, Planproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)	siehe Anmerk.
*)	Länder								
Vorzugsmilch									
7 (7)	BY,SH,MV, SN,NI,NW, TH	SALMONELLA	46	0					1)
Rohmilch ab Hof									
7 (10)	BY,HE,MV, NI,NW,RP,ST	SALMONELLA	89	0					2)
Sammelmilch (Rohmilch)									
8 (12)	BY,HE,MV, NI,NW,SH, SL,SN	SALMONELLA	192	0					
Rohmilch-Weichkäse									
11 (14)	BY,SH,HE, MV,NI,NW, SL,ST,RP, BE,TH	SALMONELLA	113	0					1),2)
Rohmilch-Käse aus Schafsmilch									
6 (8)	MV,NI,NW, ST,RP,TH	SALMONELLA	19	0					1),2)
Rohmilch-Käse, andere									
3 (3)	SH,MV,TH	SALMONELLA	36	0					1)
Milch, pasteurisiert									
10 (13)	BY,SH,MV, SN,NW,SL, ST,RP,BE,TH	SALMONELLA	393	0					1),2)
Milch, UHT, sterilisiert oder gekocht									
12 (8)	HE,NW,RP, NI,SH,BW, BY,MV,SN, SL,BE,TH	SALMONELLA	106	0					1),2)
Milchprodukte, ohne Rohmilch									
5 (9)	NW,NI,ST,	SALMONELLA	1234	2	0,16		±0,22	0,00–0,39	2),3)
	RP,BE	S.HADAR	..	1	0,08		±0,16	0,00–0,24	
		fehlende (missing)	..	1					
Butter									
10 (10)	BY,SH,NW, RP,NI,BW, MV,SN,ST, TH	SALMONELLA	280	0					1),2)

Fortsetzung Tab. 4.1.13: Milch und Erzeugnisse, Planproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)	siehe Anmerk.
*)	Länder								
Weichkäse									
12 (17)	HE,BY,SH,	SALMONELLA	462	1	0,22		±0,42	0,00–0,64	1),2)
	NW,RP,NI, MV,SN,SL, ST,BE,TH	fehlende (missing)	..	1					
Käse, andere									
14 (20)	NW,HE,BY, HH,SH,RP, NI,BW,MV, SN, SL,ST, BE,TH	SALMONELLA	2100	0					1),2),4)
Trockenmilch									
6 (5)	HE,SH,RP,NI ,MV,SN	SALMONELLA	1422	0					
Rohmilch anderer Tierarten									
7 (9)	BY,SH,MV, SN,NW,ST, TH	SALMONELLA	51	0					1),2)
Milch anderer Tierarten									
4 (4)	SN,NW,BE, TH	SALMONELLA	11	0					1)
Milcherzeugnisse anderer Tierarten									
3 (3)	NW,ST,BE	SALMONELLA	40	0					2)
Käse und -zubereitungen aus Rohmilch anderer Tierarten									
5 (5)	SN,NI,NW, ST,TH	SALMONELLA	19	0					2)
Ziegenkäse									
10 (13)	BY,SH,MV, SN,NI,NW, SL,ST,RP,TH	SALMONELLA	103	0					2)
Weichkäse aus Ziegenmilch									
3 (3)	BY,BW,MV	SALMONELLA	10	0					
Schafkäse									
6 (6)	HE,BY,SH, MV,SN,TH	SALMONELLA	29	0					1)
Milchpulver, Trockenmilch									
5 (9)	NI,NW,ST, RP,BE	SALMONELLA	132	0					2)
Milchprodukte, andere									
11 (9)	HE,BY,HH,	SALMONELLA	2002	6	0,30		±0,24	0,06–0,54	1),5)
	SH,NW,RP, NI,BW,MV, SN,TH	fehlende (missing)	..	6					
Milch, unspezifiziert									
6 (10)	NI,NW,SL, ST,RP,BE	SALMONELLA	332	0					2)

Anmerkungen

1) TH: VIDAS in 25 g §64 LFGB L00.00-66
2) SL,ST: Probenvorbereitung g
3) ST: Sequenzen zum Nachweis von *Salmonella enterica*
4) BY: VIDAS
5) RP: Sahne aus Automaten, flüssige u. geschlagene

Tab. 4.1.14: Sonstige Lebensmittel, Planproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle *)	Länder	Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)	siehe Anmerk.
Brote, Kleingebäck									
7 (7)	HE,SH,RP, BY,SN,NW, TH	SALMONELLA	36	0					1),2)
Feine Backwaren									
13 (18)	HE,BY,HH,	SALMONELLA	2075	4	0,19		±0,19	< 0,005–0,38	2)–5)
	SH,NW,RP, BW,MV,SN, NI,SL,ST, TH	fehlende (missing)	..	4					
Teigwaren									
10 (15)	HE,BY,SH, NW,RP, BW,MV,SN, NI, TH	SALMONELLA	268	0					2),5)
Speiseeis									
13 (18)	BY,SH,HE, NI,BW,MV, SN,NW,SL, ST,TH,BE, RP	SALMONELLA	5984	0					4),6)
Speiseeis, handwerkliche Herstellung									
4 (4)	BY,HH,SN, RP	SALMONELLA	1397	0					
Feinkostsalate – fleischhaltig									
11 (15)	HE,BY,SH, NI,MV,SN, NW,SL,RP, ST,TH	SALMONELLA	816	0					2),4),5)
Feinkostsalate – fischhaltig									
10 (14)	BY,SH,RP, NI,MV,SN, NW,SL,ST, TH	SALMONELLA	261	0					2),4),5)
Feinkostsalate – pflanzenhaltig									
10 (14)	HE,BY,SH, NI,BW,SN, NW,ST,RP, TH	SALMONELLA	576	0					2),4),5)
Feinkostsalate – eihaltig									
10 (13)	HE,BY,SH,	SALMONELLA	187	2	1,07		±1,47	0,00–2,54	4),5),7)
	NI,MV,SN, NW,ST,RP, TH	fehlende (missing)	..	2					
Feinkostsalate – milchhaltig									
10 (14)	HE,BY,SH,	SALMONELLA	100	1	1,00		±1,95	0,00–2,95	2),4),5)
	SN,NI,NW, SL,ST,RP, TH	S.TYPHIMURIUM	..	1	1,00		±1,95	0,00–2,95	
Feinkostsalate – geflügelhaltig									
4 (6)	NI,NW,ST, RP	SALMONELLA	35	0					4)
Feinkostsalate – sonstige									
11 (14)	BY,SH,RP, BW,MV,SN, NI,NW,SL, ST,TH	SALMONELLA	135	0					2),4),5)
Feinkostsalate, unspezifiziert									
4 (7)	NI,NW,SL, ST	SALMONELLA	244	0					4)

Fortsetzung Tab. 4.1.14: Sonstige Lebensmittel, Planproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)	siehe Anmerk.
*)	Länder								
Fertiggerichte									
13 (21)	HE,BY,HH,	SALMONELLA	3138	7	0,22		±0,17	0,06–0,39	2),4),5)
	SH,NW,RP,	S.LONDON	..	1	0,03		±0,06	0,00–0,09	
	NI,MV,SN,	S.NEWPORT	..	1	0,03		±0,06	0,00–0,09	
	SL,ST,BE, TH	fehlende (missing)	..	5					
Fertige Puddinge, Krem-, Breispeisen und Soßen (ohne Roheizusatz)									
10 (12)	HE,BY,SH, NW,RP,NI, BW,MV,SN, BE	SALMONELLA	1093	0					
Soßen, Dressings									
3 (6)	NI,NW,BE	SALMONELLA	271	0					
Kinder-, Diätnahrung									
3 (6)	NI,NW,SL	SALMONELLA	23	0					4)
Kindernahrung									
4 (4)	BY,HH,SH, TH	SALMONELLA	183	0					5)
Kleinkindernahrung bis 6 Monate									
2 (5)	NI,NW	SALMONELLA	113	0					
Kleinkindernahrung ab 6 Monate									
1 (3)	NW	SALMONELLA	26	0					
Schokoladenhaltige Erzeugnisse									
10 (11)	HE,BY,SH, NW,RP,NI, BW,MV,SN, BE	SALMONELLA	694	0					
Kartoffelknabbererzeugnisse (Chips etc.)									
4 (4)	SH,SN,NI, NW	SALMONELLA	11	0					
Gewürze									
11 (16)	HE,BY,SH, RP,BW,MV,	SALMONELLA	717	2	0,28		±0,39	0,00–0,66	2),4),5), 7),8)
	SN,NI,NW,	S.KENTUCKY	..	1	0,14		±0,27	0,00–0,41	8)
	ST,TH	fehlende (missing)	..	1					
Süßwaren mit verschiedenen Rohmassen									
7 (8)	HE,BY,SH,	SALMONELLA	198	1	0,51		±0,99	0,00–1,49	9)
	NI,NW,BE, RP	fehlende (missing)	..	1					
Salate									
4 (8)	NI,NW,SL,	SALMONELLA	191	2	1,05		±1,44	0,00–2,49	4)
	ST	fehlende (missing)	..	2					
Blattgemüse									
7 (12)	BY,SH,MV, NI,NW,RP, TH	SALMONELLA	84	0					5)
Anderes Frischgemüse zum Rohverzehr									
9 (11)	HE,BY,HH, SH,NW,RP, MV,SN,TH	SALMONELLA	344	0					2),5),7), 10)
Sprossgemüse									
12 (18)	HE,BY,HH, SH,BW,MV, SN,NI,NW, SL,RP,TH	SALMONELLA	336	0					5),7), 11),12)
Frischgemüse ausgenommen Rhabarber									
2 (6)	NI,NW	SALMONELLA	276	0					

Fortsetzung Tab. 4.1.14: Sonstige Lebensmittel, Planproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)	siehe Anmerk.
*)	Länder								
Frischobst einschließlich Rhabarber									
8 (10)	BY,HH,SH, HE,RP,NI, NW,TH	SALMONELLA	129	0					5)
Obstsalat gemischt									
10 (13)	BY,HH,SH, BW,MV,NI, NW,BE,RP, TH	SALMONELLA	188	0					5)
Erzeugnisse aus Ölsamen und Schalenobst									
7 (7)	BY,SH,BW, NI,NW,RP,	SALMONELLA	122	1	0,82		±1,60	0,00–2,42	2),5), 13),15)
	TH	S.LEEUWARDEN	..	1	0,82		±1,60	0,00–2,42	13),14)
Pflanzliche Lebensmittel, sonst									
11 (14)	BY,HH,SH, HE,NW,RP, NI,BW,MV, SL,TH	SALMONELLA	637	0					5),16)
Trinkwasser und Mineralwasser									
1 (1)	NI	SALMONELLA	26	0					
Tee									
3 (3)	BY,NW,RP	SALMONELLA	130	1	0,77		±1,50	0,00–2,27	17)
		S.KENTUCKY	..	1	0,77		±1,50	0,00–2,27	17)
Alkoholfreie Getränke, gesamt									
5 (8)	SH,SN,NI, NW,TH	SALMONELLA	87	0					5)
Alkoholhaltige Getränke									
6 (5)	SH,HE,BY, SN,NW,RP	SALMONELLA	48	0					18)
Lebensmittel, sonst									
10 (16)	BY,HH,SH, NW,NI,BW, SL,ST,RP, BE	SALMONELLA	1396	0					4)
Tupferproben in Lebensmittel-Betrieben									
2 (4)	NW,SH	SALMONELLA	295	0					

Anmerkungen

1) RP: gefüllte Waffeln
2) TH: Screening mit VIDAS SLM, Bestätigung mit L00.00-20
3) BY: VIDAS
4) ST,TH,RP,SL: Probenvorbereitung g
5) TH: Screening mit VIDAS SLM, Bestätigung mit §64 LFGB L00.00-20
6) TH: VIDAS in 25 g §64 LFGB L00.00-66
7) TH: Screening mit VIDAS SLM, Bestätigung mit L00.00-20
8) RP: getrockn.Petersilie
9) RP: Schokolade
10) RP: Meldung über DMP
12) RP: 2016 Sprossen u. Tomaten:
13) RP: gemahlene Haselnüsse, Backzutat
14) RP: Leeuvarden
15) RP: Sesampaste
16) RP: Salate,verzehrsfertig
17) BY: Tee und -erzeugnisse
18) RP: Eierlikör

Tab. 4.1.15: Lebensmittel, Planproben, nur aus dem Einzelhandel 2016 – *SALMONELLA*

Quellen	Länder (Labore)	Proben	SALMONELLA		S.Enteritdis		S.Typhi-murium		Sonstige	
			pos.	% pos.	pos.	% pos.	pos.	% pos.	pos.	% pos.
Fleisch ohne Geflügel, gesamt	21 (17)	1767	20	1,13			3	0,17	9	0,51
Rindfleisch	10 (14)	382	0							
Kalbfleisch	6 (7)	28	0							
Schweinefleisch	21 (17)	1154	17	1,47			3	0,26	6	0,52
Schaffleisch	7 (9)	62	0							
Wildwiederkäuerfleisch	5 (5)	13	1	7,69					1	7,69
Fleisch v. Wildschwein	3 (7)	25	0							
Wildfleisch, sonst	6 (7)	36	2	5,56					2	5,56
Fleischteilstücke, roh, küchenmäßig vorbereitet	12 (15)	398	6	1,51			1	0,25	2	0,50
aus Schweinefleisch	10 (14)	356	6	1,69			1	0,28	2	0,56
aus Rindfleisch	8 (10)	33	0							
Rohfleisch, zerkleinert (Stücke bis 100 g)	12 (16)	350	6	1,71			2	0,57	1	0,29
aus Rindfleisch	10 (13)	97	0							
aus Schweinefleisch	10 (14)	107	1	0,93			1	0,93		
Hackfleisch	13 (18)	1778	22	1,24	1	0,06	4	0,22	3	0,17
aus Rindfleisch	10 (14)	666	2	0,30	1	0,15	1	0,15		
gemischt (Rind/Schwein)	12 (17)	497	4	0,80			1	0,20	2	0,40
aus Schweinefleisch	11 (15)	446	16	3,59			2	0,45	1	0,22
Hackfleischzubereitungen	14 (18)	1546	20	1,29			7	0,45	9	0,58
aus Rindfleisch	6 (6)	27	0							
aus Schweinefleisch	13 (15)	373	4	1,07			1	0,27	3	0,80
Hitzebehandelte Fleischerzeugnisse	13 (16)	1299	1	0,08						
aus Rindfleisch	5 (7)	39	0							
aus Schweinefleisch	10 (12)	271	1	0,37						
Anders stabilisierte Fleischerzeugnisse	17 (18)	2700	20	0,74			6	0,22	7	0,26
aus Rindfleisch	8 (10)	51	0							
aus Schweinefleisch	13 (14)	415	3	0,72			1	0,24	2	0,48
Konsumeier v. Huhn, gesamt	17 (17)	2348	3	0,13					1	0,04
Schale	8 (7)	1104	0							
Eiklar	5 (4)	61	0							
Dotter	11 (12)	1133	0							
Eizubereitungen (Speisen mit Rohei)	4 (5)	67	0							
Eiprodukte, verkehrsfertig	8 (6)	50	0							
Rohmilch-Weichkäse	8 (10)	79	0							
Rohmilch-Käse, andere	1 (1)	20	0							
Milch, pasteurisiert	9 (12)	255	0							
Milch, UHT, sterilisiert oder gekocht	7 (6)	69	0							
Milchprodukte, ohne Rohmilch	5 (9)	1168	2	0,17					1	0,09
Butter	10 (10)	186	0							
Weichkäse	13 (16)	376	1	0,27						
Käse, andere	15 (16)	1408	0							
Ziegenkäse	9 (11)	65	0							
Milchprodukte, andere	11 (9)	1675	6	0,36						
Milch, unspezifiziert	3 (7)	233	0							
Feine Backwaren	13 (16)	1887	4	0,21						
Teigwaren	11 (15)	225	0							
Speiseeis	16 (18)	5833	0							
Speiseeis, handwerkliche Herstellung	3 (3)	1048	0							

Fortsetzung Tab. 4.1.15: Lebensmittel, Planproben, nur aus dem Einzelhandel 2016 – *SALMONELLA*

Quellen	Länder (Labore)	Proben	SALMONELLA		S.Enteritdis		S.Typhi-murium		Sonstige	
			pos.	% pos.	pos.	% pos.	pos.	% pos.	pos.	% pos.
Feinkostsalate – fleischhaltig	15 (14)	726	0							
Feinkostsalate – fischhaltig	10 (14)	180	0							
Feinkostsalate – pflanzenhaltig	10 (13)	489	0							
Feinkostsalate – eihaltig	9 (11)	171	2	1,17						
Feinkostsalate – milchhaltig	8 (12)	78	1	1,28					1	1,28
Feinkostsalate – sonstige	10 (14)	122	0							
Feinkostsalate, unspezifiziert	3 (6)	220	0							
Fertiggerichte	16 (21)	2727	6	0,22					1	0,04
Fertige Puddinge, Krem-, Breispeisen und Soßen (ohne Roheizusatz)	11 (12)	654	0							
Soßen, Dressings	3 (5)	256	0							
Kindernahrung	3 (3)	181	0							
Schokoladenhaltige Erzeugnisse	8 (9)	475	0							
Gewürze	11 (16)	612	2	0,33					1	0,16
Süßwaren mit Verschiedene Rohmassen	6 (7)	97	1	1,03						
Salate	4 (8)	164	2	1,22						
Anderes Frischgemüse zur Rohverzehr	11 (10)	286	0							
Sprossgemüse	11 (17)	281	0							
Frischgemüse ausgenommen Rhabarber	2 (6)	241	0							
Frischobst einschließlich Rhabarber	8 (10)	122	0							
Obstsalat gemischt	8 (11)	174	0							
Erzeugnisse aus Ölsamen und Schalenobst	6 (6)	118	1	0,85					1	0,85
Pflanzliche Lebensmittel, sonst	12 (13)	388	0							
Tee	3 (3)	128	1	0,78					1	0,78
Tupferproben in Lebensmittel-Betrieben	2 (4)	109	0							
Fleisch v. Masthähnchen	13 (15)	557	31	5,57	2	0,36	10	1,80	5	0,90
Fleisch v. Hühnern	6 (7)	236	18	7,63	2	0,85	10	4,24	6	2,54
Fleisch v. Enten	6 (7)	39	4	10,26						
Fleisch v. Gänsen	4 (5)	14	6	42,86	1	7,14			2	14,29
Fleisch v. Truthühnern/Puten	12 (17)	495	10	2,02					7	1,41
Fleischerzeugnisse mit Geflügelfleisch	12 (15)	489	2	0,41					2	0,41
v. Masthähnchen	5 (4)	59	0							
v. Truthühnern/Puten	6 (5)	37	1	2,70					1	2,70
Geflügelfleisch, roh, küchenmäßig vorbereitet	12 (15)	284	6	2,11	3	1,06			3	1,06
v. Masthähnchen	7 (6)	65	3	4,62	1	1,54			2	3,08
v. Truthühnern/Puten	5 (5)	25	1	4,00					1	4,00
Fische, Meerestiere und Erzeugnisse, gesamt	12 (16)	2235	4	0,18						
Fische und Zuschnitte	11 (13)	979	0							
Fisch, heiß geräuchert	8 (10)	320	0							
Fisch, anders haltbar gemacht	7 (10)	323	0							
Schalen-, Krusten-, ähnliche Tiere und Erzeugnisse	9 (14)	448	2	0,45					1	0,22

Tab. 4.1.16: Lebensmittel, Anlassproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	s. An-
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	merk.
Fleisch ohne Geflügel, gesamt									
14 (17)	HE,BY,HH,SH,	SALMONELLA	465	10	2,15		±1,32	0,83–3,47	1)
	MV,SN,NI,NW,	S.TYPHIMURIUM	..	3	0,65		±0,73	0,00–1,37	
	SL,ST,RP,BE,TH	S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	0,22		±0,42	0,00–0,64	
		fehlende (missing)	..	6					
Rindfleisch									
12 (13)	HE,BY,SH,SN,NI,	SALMONELLA	283	4	1,41		±1,38	0,04–2,79	1)
	NW,SL,ST,RP,	S.TYPHIMURIUM	..	1	0,35		±0,69	0,00–1,04	
	BE,TH	fehlende (missing)	..	3					
Schweinefleisch									
10 (14)	HE,BY,SH,MV,	SALMONELLA	97	7	7,22		±5,15	2,07–12,37	1)
	SN,NI,NW,ST,	S.TYPHIMURIUM	..	2	2,06		±2,83	0,00–4,89	
	RP,TH	S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	1,03		±2,01	0,00–3,04	
		fehlende (missing)	..	4					
Schaffleisch									
5 (5)	HE,BY,SH,NW, RP	SALMONELLA	17	0					
Wildwiederkäuerfleisch									
2 (2)	BY,HH	SALMONELLA	15	0					
Wildfleisch, sonst									
5 (5)	HE,BY,HH,SN,	SALMONELLA	28	1	3,57		±6,87	0,00–10,45	
	TH	fehlende (missing)	..	1					
Fleischteilstücke, roh, küchenmäßig vorbereitet									
8 (10)	BY,SH,SN,NI,	SALMONELLA	18	1	5,56		±10,58	0,00–16,14	1)
	NW,ST,RP,TH	S.BRANDENBURG	..	1	5,56		±10,58	0,00–16,14	
aus Schweinefleisch									
6 (8)	BY,SH,SN,	SALMONELLA	12	1	8,33		±15,64	0,00–23,97	1)
	NW,ST,TH	S.BRANDENBURG	..	1	8,33		±15,64	0,00–23,97	
Fleischerzeugnisse ohne Wurst									
3 (5)	NI,NW,RP	SALMONELLA	11	0					
Rohfleisch, zerkleinert (Stücke bis 100 g)									
6 (8)	HE,BY,SH,NW,	SALMONELLA	70	1	1,43		±2,78	0,00–4,21	
	RP,TH	S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	1	1,43		±2,78	0,00–4,21	
aus Rindfleisch									
3 (4)	BY,NW,TH	SALMONELLA	10	0					
aus anderem Fleisch ohne Geflügel									
2 (2)	NW,RP	SALMONELLA	2	1	50,00		±69,30		
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	1	50,00		±69,30		
Hackfleisch									
8 (12)	HE,BY,SH,SN,NI,	SALMONELLA	118	2	1,69		±2,33	0,00–4,02	1)
	NW,ST,RP	fehlende (missing)	..	2					
aus Rindfleisch									
6 (8)	BY,SH,SN,NI, NW,RP	SALMONELLA	39	0					
gemischt (Rind/Schwein)									
4 (8)	BY,SN,NW,RP	SALMONELLA	24	1	4,17		±7,99	0,00–12,16	
		fehlende (missing)	..	1					
aus Schweinefleisch									
6 (8)	BY,SN,NI,NW, ST,RP	SALMONELLA	18	0					1)

Fortsetzung Tab. 4.1.16: Lebensmittel, Anlassproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	s. An-
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	merk.
Hackfleischzubereitungen									
11 (13)	BY,SH,MV,NI,	SALMONELLA	149	8	5,37		±3,62	1,75–8,99	1)
	NW,ST,RP,SL, BE,TH	S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	1	0,67		±1,31	0,00–1,98	
		fehlende (missing)	..	7					
gemischt (Rind/Schwein)									
1 (1)	BY	SALMONELLA	20	0					
aus Schweinefleisch									
4 (5)	BY,MV,NW,TH	SALMONELLA	14	0					
Hitzebehandelte Fleischerzeugnisse									
11 (17)	HE,BY,HH,SH, SN,NI,NW,SL, ST,RP,TH	SALMONELLA	360	0					1)
aus Rindfleisch									
6 (9)	BY,HH,SN,NW, SL,TH	SALMONELLA	41	0					
aus Schweinefleisch									
6 (8)	BY,HH,SH,SN, NW,TH	SALMONELLA	49	0					
aus anderem Fleisch ohne Geflügel									
4 (4)	HE,BY,SN,TH	SALMONELLA	61	0					
Anders stabilisierte Fleischerzeugnisse									
11 (17)	NW,HE,BY,SH,	SALMONELLA	231	3	1,30		±1,46	0,00–2,76	1)
	MV,SN,NI,SL,	S.TYPHIMURIUM	..	1	0,43		±0,85	0,00–1,28	
	ST,RP,TH	fehlende (missing)	..	2					
aus Schweinefleisch									
6 (8)	BY,SH,MV,SN, NW,TH	SALMONELLA	19	0					
Fleischerzeugnisse in Konserven									
5 (5)	HE,BY,SH,NW, ST	SALMONELLA	10	0					1)
Geflügelfleisch, gesamt									
10 (15)	HE,BY,SH,MV,	SALMONELLA	128	2	1,56		±2,15	0,00–3,71	1)
	SN,NI,NW,SL, ST,RP	S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	0,78		±1,53	0,00–2,31	
		S.LIVINGSTONE	..	1	0,78		±1,53	0,00–2,31	
Fleisch v. Masthähnchen									
5 (9)	NI,NW,RP,SH,SL	SALMONELLA	68	0					
Fleisch v. Hühnern									
5 (6)	BY,MV,SN,NI,	SALMONELLA	24	2	8,33		±11,06	0,00–19,39	
	NW	S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	4,17		±7,99	0,00–12,16	
		S.LIVINGSTONE	..	1	4,17		±7,99	0,00–12,16	
Fleisch v. Truthühnern/Puten									
6 (7)	HE,BY,SH,SN, NW,RP	SALMONELLA	28	0					
Fleischerzeugnisse mit Geflügelfleisch									
10 (14)	NW,HE,BY,HH,	SALMONELLA	160	1	0,63		±1,22	0,00–1,85	1)
	SH,SN,NI,ST, RP,TH	S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	1	0,63		±1,22	0,00–1,85	
v. Masthähnchen									
4 (5)	BY,HH,SN,TH	SALMONELLA	33	0					
Geflügelfleisch, roh, küchenmäßig vorbereitet									
8 (10)	BY,SH,SN,NI,	SALMONELLA	47	4	8,51		±7,98	0,53–16,49	1)
	NW,ST,RP,TH	S.ENTERITIDIS	..	1	2,13		±4,13	0,00–6,25	
		S.INFANTIS	..	1	2,13		±4,13	0,00–6,25	
		fehlende (missing)	..	2					

Fortsetzung Tab. 4.1.16: Lebensmittel, Anlassproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	s. An-
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	merk.
v. Masthähnchen									
4 (4)	BY,SH,SN,TH	SALMONELLA	11	2	18,18		±22,79	0,00–40,97	
		S.ENTERITIDIS	..	1	9,09		±16,99	0,00–26,08	
		fehlende (missing)	..	1					
Fische, Meerestiere und Erzeugnisse, gesamt									
12 (18)	HE,BY,HH,SH,	SALMONELLA	335	5	1,49		±1,30	0,19–2,79	1)
	MV,SN,NI,NW,	S.ENTERITIDIS	..	2	0,60		±0,82	0,00–1,42	
	SL,ST,RP,TH	fehlende (missing)	..	3					
Fische und Zuschnitte									
10 (12)	BY,HH,SH,MV,	SALMONELLA	79	2	2,53		±3,46	0,00–6,00	1)
	SN,NI,NW,ST, RP,TH	S.ENTERITIDIS	..	2	2,53		±3,46	0,00–6,00	
Fisch, heiß geräuchert									
6 (7)	BY,SH,NW,ST, RP,TH	SALMONELLA	15	0					1)
Fisch, hitzebehandelt									
4 (4)	NI,NW,ST,RP	SALMONELLA	12	0					1)
Fisch, anders haltbar gemacht									
9 (15)	BY,SH,MV,SN, NW,SL,ST,RP, TH	SALMONELLA	72	0					1)
Schalen-, Krusten-, ähnliche Tiere und Erzeugnisse									
10 (15)	HE,BY,HH,SH,	SALMONELLA	106	4	3,77		±3,63	0,15–7,40	
	SN,NI,NW,SL,	S.ENTERITIDIS	..	1	0,94		±1,84	0,00–2,78	
	RP,TH	S.NEWPORT	..	1	0,94		±1,84	0,00–2,78	
		S.DERBY	..	1	0,94		±1,84	0,00–2,78	
		fehlende (missing)	..	1					
Konsumeier v. Huhn, gesamt									
9 (11)	BY,SH,MV,SN,	SALMONELLA	2159	3	0,14		±0,16	0,00–0,30	2)–4)
	NI,NW,ST,RP,	S.INDIANA	..	2	0,09		±0,13	0,00–0,22	2)
	TH	S., sp.	..	1	0,05		±0,09	0,00–0,14	2)
aus Bodenhaltung									
2 (2)	BY,TH	SALMONELLA	301	0					2),4)
aus Freilandhaltung									
1 (1)	MV	SALMONELLA	12	0					
Schale									
4 (4)	BY,SH,MV,TH	SALMONELLA	2034	3	0,15		±0,17	0,00–0,31	2),3), 4)
		S.INDIANA	..	2	0,10		±0,14	0,00–0,23	2)
		S., sp.	..	1	0,05		±0,10	0,00–0,15	2)
Dotter									
5 (5)	BY,SH,MV,NI, TH	SALMONELLA	2076	0					2),3), 4)
Eizubereitungen (Speisen mit Rohei)									
3 (3)	HH,NI,NW	SALMONELLA	12	1	8,33		±15,64	0,00–23,97	
		S.ENTERITIDIS	..	1	8,33		±15,64	0,00–23,97	
Eiprodukte, verkehrsfertig									
4 (5)	BY,MV,NI,TH	SALMONELLA	32	0					
Rohmilch ab Hof									
5 (5)	BY,HE,NI,NW, RP	SALMONELLA	11	0					
Sammelmilch (Rohmilch)									
3 (3)	BE,HE,SH	SALMONELLA	24	0					
Rohmilch-Weichkäse									
3 (3)	RP,BE	SALMONELLA	38	0					
Milch, pasteurisiert									
6 (6)	HE,BY,SH,SN, NW,RP	SALMONELLA	21	0					
Milch, UHT, sterilisiert oder gekocht									
6 (6)	HE,HH,MV,SL, RP,BE	SALMONELLA	19	0					

Fortsetzung Tab. 4.1.16: Lebensmittel, Anlassproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	s. An-
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	merk.
Milchprodukte, ohne Rohmilch									
6 (8)	NI,NW,ST,RP, BE	SALMONELLA	188	0					1)
Butter									
4 (4)	BY,SH,NW,TH	SALMONELLA	19	0					
Weichkäse									
9 (10)	HE,BY,SN,NW, SL,RP,BE,TH	SALMONELLA	129	0					1)
Käse, andere									
14 (18)	HE,BY,HH,SH, MV,SN,NI,NW, SL,ST,RP,BE, TH	SALMONELLA	234	0					4),1)
Milchprodukte, andere									
6 (7)	HE,BY,SH,MV,	SALMONELLA	275	2	0,73		±1,00	0,00–1,73	4)
	SN,TH	fehlende (missing)	..	2					
Milch, unspezifiziert									
1 (1)	BE	SALMONELLA	1	0					
Brote, Kleingebäck									
8 (11)	NW,HE,BY,SH, SL,ST,RP,TH	SALMONELLA	26	0					1)
Feine Backwaren									
11 (17)	HE,BY,SH,MV,	SALMONELLA	142	4	2,82		±2,72	0,10–5,54	1)
	SN,NI,NW,SL,	S.ENTERITIDIS	..	1	0,70		±1,38	0,00–2,08	
	ST,RP,TH	fehlende (missing)	..	3					
Teigwaren									
8 (10)	HE,BY,HH,SH, SN,NW,ST,TH	SALMONELLA	47	0					1)
Speiseeis									
11 (13)	BY,SH,MV,SN, NI,NW,ST,RP, BE,TH	SALMONELLA	824	0					1),4)
Speiseeis, handwerkliche Herstellung									
4 (4)	BY,SN,RP,TH	SALMONELLA	79	1	1,27		±2,47	0,00–3,73	5)
		S.ENTERITIDIS	..	1	1,27		±2,47	0,00–3,73	5)
Feinkostsalate – fleischhaltig									
8 (11)	HE,BY,SH,SN, NI,NW,ST,TH	SALMONELLA	41	0					1),6)
Feinkostsalate – fischhaltig									
6 (8)	HE,BY,SN,NW, ST,RP	SALMONELLA	11	0					1)
Feinkostsalate – pflanzenhaltig									
7 (9)	HE,BY,HH,SH,	SALMONELLA	54	1	1,85		±3,60	0,00–5,45	
	SN,NI,RP	S.ENTERITIDIS	..	1	1,85		±3,60	0,00–5,45	
Feinkostsalate – milchhaltig									
3 (5)	SN,NW,SL	SALMONELLA	10	0					
Feinkostsalate – sonstige									
4 (5)	BY,HH,SH,NI	SALMONELLA	10	0					
Feinkostsalate, unspezifiziert									
5 (9)	NI,NW,SL,ST, RP	SALMONELLA	80	0					1)
Fertiggerichte									
14 (17)	NW,HE,BY,HH,	SALMONELLA	2222	3	0,14		±0,15	0,00–0,29	1),6)
	SH,SN,NI,SL,	S.INDIANA	..	1	0,05		±0,09	0,00–0,13	
	ST,RP,BE,TH	fehlende (missing)	..	2					
Fertige Puddinge, Krem-, Breispeisen und Soßen (ohne Roheizusatz)									
10 (13)	NW,HE,BY,HH, SH,SN,BE,RP, TH	SALMONELLA	90	0					

Fortsetzung Tab. 4.1.16: Lebensmittel, Anlassproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	s. An-
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	merk.
Soßen, Dressings									
7 (9)	NI,NW,SL,ST, RP,BE	SALMONELLA	154	0					1)
Kindernahrung									
5 (5)	BY,SH,MV,SN, TH	SALMONELLA	20	0					
Schokoladenhaltige Erzeugnisse									
5 (5)	BY,SH,MV,BE, TH	SALMONELLA	84	0					6)
Gewürze									
9 (13)	HE,BY,SH,SN, NI,NW,SL,RP, TH	SALMONELLA	76	0					6)
Süßwaren mit verschiedenen Rohmassen									
5 (5)	NW,HE,SL,BE	SALMONELLA	20	0					
Salate									
5 (8)	NI,NW,SL,ST, RP	SALMONELLA	32	0					1)
Blattgemüse									
7 (10)	BY,HH,SH,MV, NW,SL,TH	SALMONELLA	16	0					6)
Anderes Frischgemüse zum Rohverzehr									
6 (6)	HE,BY,HH,SH,	SALMONELLA	61	1	1,64		±3,19	0,00–4,83	6)
	SN,TH	fehlende (missing)	..	1					
Sprossgemüse									
4 (4)	HE,BY,SH,RP	SALMONELLA	23	0					
Frischgemüse ausgenommen Rhabarber									
5 (8)	NW,NI,SL,ST, RP	SALMONELLA	40	0					1)
Frischobst einschließlich Rhabarber									
6 (8)	BY,SH,NI,NW, ST,TH	SALMONELLA	22	0					1),6)
Obstsalat gemischt									
4 (6)	BY,NI,NW,RP	SALMONELLA	16	0					
Erzeugnisse aus Ölsamen und Schalenobst									
3 (4)	BY,HH,TH	SALMONELLA	613	1	0,16		±0,32	0,00–0,48	6)
		S.NEWPORT	..	1	0,16		±0,32	0,00–0,48	
Pflanzliche Lebensmittel, sonst									
7 (10)	BY,HH,SH,NW, SL,ST,TH	SALMONELLA	90	0					1),6)
Alkoholfreie Getränke, gesamt									
9 (10)	HE,BY,SH,SN, NI,NW,SL,ST, TH	SALMONELLA	42	0					1),6)
Trinkwasser und Mineralwasser									
5 (5)	HE,BY,SH,SN, TH	SALMONELLA	14	0					6)
Alkoholhaltige Getränke									
6 (7)	HE,BY,SH,SN, NI,NW	SALMONELLA	36	0					
Lebensmittel, sonst									
10 (13)	BY,HH,SH,NI, NW,SL,ST,BE, TH	SALMONELLA	260	0					1),6)
Tupferproben in Lebensmittel-Betrieben									
6 (7)	BY,SH,SN,NI, NW,TH	SALMONELLA	2389	0					6)

Fortsetzung Tab. 4.1.16: Lebensmittel, Anlassproben 2016 – *SALMONELLA*

Anmerkungen

1) ST: Probenvorbereitung g
2) BY: jeweils 10 Eier pro Pool, Zahl x 10
3) SH: Pool aus je 5 Eiern, 7 x 5
4) TH: VIDAS in 25 g § 64 LFGB L00.00-66
5) RP: Parfait, halbgefrorenes
6) TH: Screening mit VIDAS SLM Bestätigung mit L00.00-20

Tab. 4.1.17: Lebensmittel – Hygiene-Untersuchungen 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)	siehe Anmerk.
*)	Länder								
Tupferproben in Lebensmittel-Betrieben									
1 (1)	MV	SALMONELLA	712	0					

Tab. 4.1.18: Lebensmittel – Sonstige Untersuchungen 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)	siehe Anmerk.
*)	Länder								
Fleisch ohne Geflügel, gesamt									
4 (4)	BY,SH,MV, NW	SALMONELLA	230	0					
Rindfleisch									
3 (3)	BY,SH,MV	SALMONELLA	190	0					
Schweinefleisch									
3 (3)	BY,SH,NW	SALMONELLA	16	0					
Fleischteilstücke, roh, küchenmäßig vorbereitet									
2 (2)	BY,NW	SALMONELLA	106	0					
aus Schweinefleisch									
2 (2)	BY,NW	SALMONELLA	97	0					
aus Rindfleisch									
1 (1)	BY	SALMONELLA	9	0					
Hackfleisch									
2 (3)	BY,NW	SALMONELLA	108	0					
aus Rindfleisch									
1 (1)	BY	SALMONELLA	20	0					
gemischt (Rind/Schwein)									
2 (3)	BY,NW	SALMONELLA	66	0					
aus Schweinefleisch									
2 (2)	BY,NW	SALMONELLA	19	0					
Hackfleischzubereitungen									
2 (3)	MV,NW	SALMONELLA	12	0					
Anders stabilisierte Fleischerzeugnisse									
2 (4)	BY,NW	SALMONELLA	76	0					
Geflügelfleisch, gesamt									
2 (3)	BY,NW	SALMONELLA	438	21	4,79		±2,00	2,79–6,80	
		S.TYPHIMURIUM	..	14	3,20	66,67	±1,65	1,55–4,84	
		S.INFANTIS	..	3	0,68	14,29	±0,77	0,00–1,46	
		S.NEWPORT	..	3	0,68	14,29	±0,77	0,00–1,46	
		S.BREDENEY	..	1	0,23	4,76	±0,45	0,00–0,68	
Fleisch v. Masthähnchen									
1 (1)	BY	SALMONELLA	18	0					

Fortsetzung Tab. 4.1.18: Lebensmittel – Sonstige Untersuchungen 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)	siehe Anmerk.
Fleisch v. Truthühnern/Puten									
2 (2)	BY,NW	SALMONELLA	175	21	12,00		±4,81	7,19–16,81	
		S.TYPHIMURIUM	..	14	8,00	66,67	±4,02	3,98–12,02	
		S.INFANTIS	..	3	1,71	14,29	±1,92	0,00–3,64	
		S.NEWPORT	..	3	1,71	14,29	±1,92	0,00–3,64	
		S.BREDENEY	..	1	0,57	4,76	±1,12	0,00–1,69	
Geflügelfleisch, roh, küchenmäßig vorbereitet									
2 (2)	BY,NW	SALMONELLA	14	0					
v. Truthühnern/Puten									
1 (1)	BY	SALMONELLA	10	0					
Fische, Meerestiere und Erzeugnisse, gesamt									
4 (4)	BY,SH,MV,NW	SALMONELLA	278	0					
Schalen-, Krusten-, ähnliche Tiere und Erzeugnisse									
2 (2)	SH,MV	SALMONELLA	241	0					
Konsumeier v. Huhn, gesamt									
2 (2)	BY,ST	SALMONELLA	265	0					1)
Schale									
1 (1)	BY	SALMONELLA	259	0					
Dotter									
1 (1)	BY	SALMONELLA	259	0					
Fertiggerichte									
3 (4)	SH,MV,NW	SALMONELLA	41	0					
Blattgemüse									
2 (2)	BY,NW	SALMONELLA	43	0					
Sprossgemüse									
2 (2)	BY,NW	SALMONELLA	31	0					
Lebensmittel, sonst									
2 (3)	BY,NW	SALMONELLA	85	0					

Anmerkungen

1) ST: Probenvorbereitung g

Tab. 4.1.19 a): Nutzgeflügel 2016 – *SALMONELLA* (Herden)[1]

Quelle		Zoonosenerreger	Herden untersucht	Pos.	%	%r	siehe Anmerk.
*)	Länder						
Legehennen							
11 (15)	NW,RP,HE,BY,SH,	SALMONELLA	6620	121	1,83		1)–13)
	BW,MV,SL,NI,ST,	S.ENTERITIDIS	..	64	0,97	57,66	2)–4),8),11),12)
	TH	S.TYPHIMURIUM	..	25	0,38	22,52	4),6),11),12)
		S.LIVINGSTONE	..	6	0,09	5,41	
		S.INFANTIS	..	3	0,05	2,70	7)
		S.MBANDAKA	..	2	0,03	1,80	12)
		S.PARATYPHI B	..	1	0,02	0,90	
		S.HADAR	..	1	0,02	0,90	
		S.III-FORM	..	1	0,02	0,90	3)
		S.CUBANA	..	1	0,02	0,90	
		S.INDIANA	..	1	0,02	0,90	4)
		S.AMSTERDAM	..	1	0,02	0,90	
		S.GALLINARUM-PULLORUM	..	1	0,02	0,90	
		S.AGONA	..	1	0,02	0,90	
		S.SENFTENBERG	..	1	0,02	0,90	11)
		S.SCHLEISSHEIM	..	1	0,02	0,90	
		S.TENNESSEE	..	1	0,02	0,90	
		fehlende (missing)	..	10			
Eintagsküken							
3 (3)	BW,ST,TH	SALMONELLA	44	6	13,64		10),11)
		S.TYPHIMURIUM	..	5	11,36		
		S.SENFTENBERG	..	1	2,27		11)
Aufzucht							
6 (6)	NW,BY,BW,MV, ST,TH	SALMONELLA	77	0			9),14)
Legephase							
7 (8)	NW,BY,MV,BW,NI,	SALMONELLA	1794	25	1,39		9),11),15)–18)
	ST,TH	S.ENTERITIDIS	..	12	0,67	48,00	11)
		S.TYPHIMURIUM	..	5	0,28	20,00	11)
		S.AGONA	..	2	0,11	8,00	15),16)
		S.MBANDAKA	..	2	0,11	8,00	
		S.INFANTIS	..	1	0,06	4,00	
		S.GALLINARUM-PULLORUM	..	1	0,06	4,00	
		S.SCHLEISSHEIM	..	1	0,06	4,00	
		S.TENNESSEE	..	1	0,06	4,00	17)

[1] Die Daten dieser Tabelle beinhalten auch Untersuchungen, auf die auch im Bericht über die Bekämpfungsprogramme Bezug genommen wird.

Fortsetzung Tab. 4.1.19 a): Nutzgeflügel 2016 – *SALMONELLA* (Herden)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden untersucht	Pos.	%	%r	siehe Anmerk.
*)	Länder						
Masthähnchen							
8 (10)	NW,RP,BY,BW, MV,NI,ST,TH	SALMONELLA	4856	57	1,17		2),6),9)–11),19),20),22),23),25)
		S.INFANTIS	..	18	0,37	36,00	6),19),20),23),25)
		S.I-FORM	..	12	0,25	24,00	21)
		S.ENTERITIDIS	..	5	0,10	10,00	23)
		S.OHIO	..	4	0,08	8,00	9),20)
		S.II-FORM	..	3	0,06	6,00	20)
		S.TYPHIMURIUM	..	2	0,04	4,00	
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	2	0,04	4,00	23),24)
		S.MBANDAKA	..	2	0,04	4,00	23)
		S.ANATUM	..	1	0,02	2,00	
		S.LIVINGSTONE	..	1	0,02	2,00	
		fehlende (missing)	..	7			
Enten							
7 (8)	RP,HE,BY,SH,BW,	SALMONELLA	99	6	6,06		5),6),7)
	MV,ST	S.TYPHIMURIUM	..	3	3,03		5)
		S.MELEAGRIDIS	..	3	3,03		
Enten – Mast							
3 (3)	MV,ST,TH	SALMONELLA	32	5	15,63		
		S.TYPHIMURIUM	..	3	9,38		
		S.ENTERITIDIS	..	1	3,13		
		S.ANATUM	..	1	3,13		
Gänse							
10 (11)	NW,RP,HE,BY,SH,	SALMONELLA	71	10	14,08		5)–7),9),12),18)
	BW,MV,NI,ST,TH	S.TYPHIMURIUM	..	8	11,27	80,00	18)
		S.ENTERITIDIS	..	2	2,82	20,00	18)
Gänse – Mast							
4 (4)	HE,MV,ST,TH	SALMONELLA	23	4	17,39		9)
		S.ENTERITIDIS	..	2	8,70		
		S.TYPHIMURIUM	..	2	8,70		
Puten/Truthühner							
10 (12)	NW,RP,HE,BY,SH, BW,MV,NI,ST,TH	SALMONELLA	1597	26	1,63		2),5)–7),9)–11),13),26)–28)
		S.TYPHIMURIUM	..	16	1,00	61,54	27)
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	3	0,19	11,54	24),28)
		S.INFANTIS	..	1	0,06	3,85	
		S.BREDENEY	..	1	0,06	3,85	
		S.NEWPORT	..	1	0,06	3,85	
		S.KOTTBUS	..	1	0,06	3,85	
		S.AGONA	..	1	0,06	3,85	
		S.I-RAUHFORM	..	1	0,06	3,85	
		S.MANHATTAN	..	1	0,06	3,85	
Puten/Truthühner – Mast							
8 (8)	HE,SH,NW,BW, MV,NI,ST,TH	SALMONELLA	814	17	2,09		9),10),11),18),30),31)
		S.TYPHIMURIUM	..	6	0,74	35,29	
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	3	0,37	17,65	
		S.ENTERITIDIS	..	2	0,25	11,76	
		S.-GRUPPE C2-O-FORM	..	2	0,25	11,76	18),29),31)
		S.KOTTBUS	..	1	0,12	5,88	
		S.AGONA	..	1	0,12	5,88	
		S.I-RAUHFORM	..	1	0,12	5,88	
		S.MANHATTAN	..	1	0,12	5,88	31)

Fortsetzung Tab. 4.1.19 a): Nutzgeflügel 2016 – *SALMONELLA* (Herden)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden untersucht	Pos.	%	%r	siehe Anmerk.
*)	Länder						
Puten/Truthühner – Zucht							
4 (4)	BW,NI,ST,TH	SALMONELLA	41	2	4,88		32)
		S.TYPHIMURIUM	..	1	2,44		
		S.INFANTIS	..	1	2,44		32)

Anmerkungen

1) RP: Eier, in 5er-Pools untersucht =3 x 5
2) RP: Sockentupfer
3) RP: Staub
4) BY: Probennahme nach VO 517/2011
5) BY: Seuchenermittlung
6) BY: Krankheitsursache
7) BY: Todesursache
8) NW: VO (EG) Nr. 517/2011 – Legehennen
9) MV: Angaben VLA
10) BW: Einstallungsuntersuchung
11) BW,NW: AVV-Zoonosen-Stichprobenplan
12) NI: amtliche Untersuchung nach VO (EU) 517/2011
13) ST: Serologie, SSA
14) NW: Sektionsbefunde
15) ST: amtl. Zoonosenüberwachung nach EU-Recht
16) ST: Sockenpaare; Pooluntersuchung
17) TH: Salmonellenbekämpfung gem. VO (EU) Nr. 517/2011
18) TH: Eigenkontrollen Betrieb
19) BY: Probennahme nach VO 200/2012
20) BY: *S.* subspez. II, Rauhform 3
21) BY: *S.* Subspez. I monophasisch
22) NW: VO (EG) Nr. 200/2012 – Masthähnchen
23) NI: amtliche Untersuchung nach VO (EU) 200/2012
24) NI: *S.* PARATYPHI B
25) TH: Salmonellenbekämpfung gem. VO (EU) Nr. 200/2012
26) BY: Probennahme nach VO 1190/2012
27) NW: VO (EG) Nr.1190/2012 – Mast-/Zuchtputen
28) NI: amtliche Untersuchung nach VO (EU) 1190/2012
29) TH: Gr. C2–C3
30) SH: ZSP 2016 SH 7
31) TH: Salmonellenbekämpfung gem. VO (EU) Nr. 1190/2012
32) TH: Salmonellenbekämpfung gem. VO (EU) Nr. 200/2010

Tab. 4.1.19 b): Nutzgeflügel 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere)[1]

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	siehe Anmerk.
*)	Länder						
Legehennen							
12 (15)	NW,RP,HE,BY,	SALMONELLA	72686	109	0,15		1),2),3),4),5)
	HH,BW,MV,SL,NI,	S.ENTERITIDIS	..	68	0,09	62,96	4)
	BE,ST,TH	S.TYPHIMURIUM	..	21	0,03	19,44	4)
		S.PARATYPHI B	..	2	< 0,005	1,85	
		S.INFANTIS	..	6	0,01	5,56	
		S., sonst	..	11	0,02	10,19	3)
		fehlende (missing)	..	1			
Eintagsküken							
3 (3)	BW,ST,TH	SALMONELLA	2770	1	0,04		2),6)
		S., sonst	..	1	0,04		6)
Aufzucht							
5 (6)	NW,BW,MV,ST, TH	SALMONELLA	217	0			7)
Legephase							
5 (6)	NW,BW,MV,ST,	SALMONELLA	66660	27	0,04		1),4),7),8),9)
	TH	S.ENTERITIDIS	..	9	0,01	36,00	4),9)
		S.TYPHIMURIUM	..	6	0,01	24,00	4)
		S.INFANTIS	..	3	< 0,005	12,00	
		S., sonst	..	7	0,01	28,00	
		fehlende (missing)	..	2			
Masthähnchen							
10 (11)	NW,RP,BY,SH, BW, MV,NI,SN,ST,	SALMONELLA	5553	58	1,04		1),2),4),7),10), 12)
	TH	S.INFANTIS	..	20	0,36	34,48	12)
		S.TYPHIMURIUM	..	3	0,05	5,17	10)
		S.ENTERITIDIS	..	2	0,04	3,45	
		S.PARATYPHI B	..	1	0,02	1,72	10),11)
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	1	0,02	1,72	
		S., sonst	..	31	0,56	53,45	1),7),10)
- Eintagsküken							
2 (3)	BW,MV	SALMONELLA	3519	1	0,03		1),2)
		S.INFANTIS	..	1	0,03		
- Aufzucht							
3 (3)	NW,BW,ST	SALMONELLA	330	9	2,73		4)
		S.INFANTIS	..	7	2,12		
		S.TYPHIMURIUM	..	2	0,61		
Enten							
11 (11)	RP,HE,BY,NW,	SALMONELLA	1987	35	1,76		13)
	BW,MV,SN,BE,BB,	S.TYPHIMURIUM	..	9	0,45	24,32	
	ST,TH	S.ENTERITIDIS	..	2	0,10	5,41	
		S., sonst	..	24	1,21	64,86	
		S., sp.	..	2	0,10	5,41	
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Enten – Mast							
4 (4)	BW,MV,ST,TH	SALMONELLA	73	7	9,59		
		S.TYPHIMURIUM	..	3	4,11		
		S.ENTERITIDIS	..	1	1,37		
		S., sonst	..	3	4,11		

[1] Die Daten dieser Tabelle beinhalten auch Untersuchungen, auf die auch im Bericht über die Bekämpfungsprogramme Bezug genommen wird. .

Fortsetzung Tab. 4.1.19 a): Nutzgeflügel 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden untersucht	Pos.	%	%r	siehe Anmerk.
*)	Länder						
Gänse							
13 (15)	BB,BE,BW,BY,HE,	SALMONELLA	163	19	11,66		2),4),5),10)
	MV,NI,NW,RP,SL,	S.TYPHIMURIUM	..	17	10,43	77,27	
	SN,ST,TH	S.ENTERITIDIS	..	2	1,23	9,09	4)
Gänse – Mast							
4 (4)	BW,MV,ST,TH	SALMONELLA	40	6	15,00		
		S.ENTERITIDIS	..	2	5,00		
		S.TYPHIMURIUM	..	2	5,00		
		S., sonst	..	2	5,00		
10 (13)	NW,RP,HE,BY,	SALMONELLA	1589	24	1,51		2),4),5),10)
	BW,MV,NI,SN,ST,	S.TYPHIMURIUM	..	5	0,31	23,81	
	TH	S.INFANTIS	..	1	0,06	4,76	
		S., sonst	..	15	0,94	71,43	4)
		fehlende (missing)	..	3			
Puten/Truthühner – Mast							
7 (7)	HE,NW,BW,MV,	SALMONELLA	889	53	5,96		2),4),7),14)
	NI,ST,TH	S.TYPHIMURIUM	..	41	4,61	70,69	
		S., sonst	..	17	1,91	29,31	
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Puten/Truthühner – Zucht							
3 (3)	NW,NI,TH	SALMONELLA	84	1	1,19		7),15)
		S.INFANTIS	..	1	1,19		15)
Nutzgeflügel, sonst							
10 (12)	HE,BY,HH,NW,	SALMONELLA	375	16	4,27		16),17),18)
	BW,MV,NI,SN,ST,	S.TYPHIMURIUM	..	13	3,47	76,47	
	TH	S., sonst	..	3	0,80	17,65	

Anmerkungen

1) MV: Angaben VLA
2) BW: Einstallungsuntersuchung
3) BW: je 10 Eier,10 x 273
4) BW,BY: AVV-Zoonosen-Stichprobenplan
5) ST: Serologie, SSA
6) BW: je 10 Eier,10 x 257
7) TH: Eigenkontrollen Betrieb
8) BW: je 10 Eier,10 x 16
9) TH: Salmonellenbekämpfung gem. VO (EU) Nr.517/2011
10) SN: AVV-Zoonose-Monitoring
11) SN: S. Paratyphy B
12) TH: Salmonellenbekämpfung gem. VO (EU) Nr. 200/2012
13) BB: Hygienetupfer
14) TH: Salmonellenbekämpfung gem. VO (EU) Nr. 1190/2012
15) TH: Salmonellenbekämpfung gem. VO (EU) Nr. 200/2010
16) NI: amtliche Untersuchung nach VO (EU) 517/2011
17) NI: Untersuchung auf S. Gallinarum
18) TH: Wachtel

Tab. 4.1.20: Sonstige Vögel 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	siehe Anmerk.
*)	Länder						
Reise-, Zuchttauben							
11 (15)	NW,RP,HE,BY,	SALMONELLA	917	100	10,91		1),2),3),4),5)
	HH,BW,SN,BE,	S.TYPHIMURIUM	..	93	10,14	85,32	1),2),3),4),5)
	BB,ST,TH	S., sonst	..	5	0,55	4,59	
		S., sp.	..	11	1,20	10,09	
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Papageien, Sittiche							
12 (15)	NW,RP,BY,HH,	SALMONELLA	322	2	0,62		2)
	BW,MV,NI,SN, BE,BB,ST,TH	S.TYPHIMURIUM	..	2	0,62		
Heimvögel, sonst							
9 (12)	RP,HE,BY,NW,	SALMONELLA	408	7	1,72		6)
	BW,MV,SN,ST,	S.TYPHIMURIUM	..	6	1,47		6)
	TH	S.ENTERITIDIS	..	1	0,25		
Zoovögel							
14 (15)	NW,RP,HE,BY,	SALMONELLA	1131	65	5,75		2),7)
	HH,BW,MV,SL,	S.TYPHIMURIUM	..	42	3,71	62,69	
	NI,SN,BE,BB,ST,	S.ENTERITIDIS	..	13	1,15	19,40	
	TH	S., sonst	..	9	0,80	13,43	
		S., sp.	..	3	0,27	4,48	
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Verwilderte Tauben							
6 (8)	NW,HE,BW,NI,	SALMONELLA	65	1	1,54		2)
	BE,BB	S.TYPHIMURIUM	..	1	1,54		
Finken							
11 (10)	RP,HE,BY,NW,	SALMONELLA	57	8	14,04		
	BW,MV,NI,SN,	S.TYPHIMURIUM	..	7	12,28		
	BE,BB,ST	S., sonst	..	1	1,75		
Möwen							
5 (5)	BY,NW,MV,NI,	SALMONELLA	11	4	36,36		
	SN	S.TYPHIMURIUM	..	4	36,36		
Wildvögel, sonst							
13 (17)	NW,RP,HE,BY,	SALMONELLA	836	29	3,47		2),8),9)
	HH,BW,MV,NI,	S.TYPHIMURIUM	..	26	3,11	89,66	9)
	SN,BE,BB,ST,TH	S.ENTERITIDIS	..	2	0,24	6,90	
		S., sonst	..	1	0,12	3,45	

Anmerkungen

1) NW: 3 x *S.* Typh. Var. Copenhagen
2) NW: Sektionsbefunde
3) BY: Krankheitsursache
4) BY: Seuchenermittlung
5) BY: Todesursache
6) TH: Kanarienvogel
7) NI: Pinguin
8) NI: 2 Stare, 1 Rabenkrähe
9) TH: pos. Befund bei Singvogel

Tab. 4.1.21 a): Rinder 2016 – *SALMONELLA* (Herden)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden unter-sucht	Pos.	%	%r	Siehe Anmerk.
*)	Länder						
Rinder, gesamt							
11 (12)	BW,HE,RP,SH,	SALMONELLA	9393	216	2,30		1)–5),7),12)
	SL,ST,TH,BY,	S.TYPHIMURIUM	..	98	1,04	40,66	2)–5),7),12)
	MV,NI,NW	S.DUBLIN	..	68	0,72	28,22	2),3),4),5),7)
		S.ENTERITIDIS	..	20	0,21	8,30	3),4),5),7)
		S.INFANTIS	..	8	0,09	3,32	2),10)
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	4	0,04	1,66	8)
		S.GOLDCOAST	..	4	0,04	1,66	7)
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	3	0,03	1,24	8),9)
		S.EBOKO	..	3	0,03	1,24	3),4)
		S.READING	..	3	0,03	1,24	
		S.DERBY	..	3	0,03	1,24	7)
		S.-GRUPPE C-O-FORM	..	3	0,03	1,24	8),12)
		S.HADAR	..	2	0,02	0,83	8)
		S.SENFTENBERG	..	2	0,02	0,83	3)
		S.TENNESSEE	..	2	0,02	0,83	5)
		S.BOVISMORBIFICANS	..	2	0,02	0,83	7)
		S.PANAMA	..	2	0,02	0,83	10)
		S.ANATUM	..	2	0,02	0,83	8)
		S.TYPHIMURIUM, monophasisch	..	1	0,01	0,41	6)
		S.COELN	..	1	0,01	0,41	
		S.LLANDOFF	..	1	0,01	0,41	
		S.FERRUCH	..	1	0,01	0,41	2)
		S.GIVE	..	1	0,01	0,41	4)
		S.I-FORM	..	1	0,01	0,41	5)
		S.LIVINGSTONE	..	1	0,01	0,41	
		S.COLORADO	..	1	0,01	0,41	11)
		S.OHIO	..	1	0,01	0,41	10)
		S.HAVANA	..	1	0,01	0,41	11)
		S.LANGFORD	..	1	0,01	0,41	11)
		S.AGONA	..	1	0,01	0,41	12)
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Kälber							
6 (5)	NI,RP,ST,BW,	SALMONELLA	625	37	5,92		12)
	MV,NW	S.TYPHIMURIUM	..	22	3,52	44,00	
		S.DUBLIN	..	8	1,28	16,00	
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	4	0,64	8,00	
		S.-GRUPPE C-O-FORM	..	3	0,48	6,00	12)
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	2	0,32	4,00	
		S.GOLDCOAST	..	2	0,32	4,00	
		S.ANATUM	..	2	0,32	4,00	
		S.INFANTIS	..	1	0,16	2,00	
		S.HADAR	..	1	0,16	2,00	
		S.COELN	..	1	0,16	2,00	
		S.DERBY	..	1	0,16	2,00	
		S.OHIO	..	1	0,16	2,00	
		S.HAVANA	..	1	0,16	2,00	
		S.LANGFORD	..	1	0,16	2,00	13)
		Mehrfachisolate (add.isol.)					

Fortsetzung Tab. 4.1.21 a): Rinder 2016 – *SALMONELLA* (Herden)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden unter-sucht	Pos.	%	%r	Siehe Anmerk.
*)	Länder						
Milchrinder							
5 (5)	ST,BW,MV,NI,	SALMONELLA	192	22	11,46		12)
	NW	S.TYPHIMURIUM	..	12	6,25	52,17	12)
		S.DUBLIN	..	4	2,08	17,39	
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	2	1,04	8,70	
		S.ENTERITIDIS	..	1	0,52	4,35	
		S.LLANDOFF	..	1	0,52	4,35	
		S.-GRUPPE C-O-FORM	..	1	0,52	4,35	
		S.GOLDCOAST	..	1	0,52	4,35	
		S.AGONA	..	1	0,52	4,35	12)
		Mehrfachisolate (add.isol.)					

Anmerkungen

1) RP: Handelsuntersuchung
2) TH: Ausbruchsuntersuchungen gem. Rindersalmonellose-Verordnung; 1 x *S*. Muenster, 1 x *S*. Kottbus; mehrere Betriebe waren pos. für verschiedene Serovare
3) BY: Krankheitsursache
4) BY: Seuchenermittlung
5) BY: Todesursache
6) HE: *S*. Thyphimurium monophasisch
7) NI: Mehrfachisolierungen (Serovare) in den Herden
8) NI: *S*. Gruppe C-Isolate stammen aus dem *S*. Goldcoast-Betrieb, wurden nach Rücksprache mit VA nicht weiter differenziert.
9) NI: *S*. PARATYPHI B
10) NI: *S*. Gruppe B-Isolate stammen aus einem *S*. Typhimurium-Betrieb, wurden nach Rücksprache mit VA nicht weiter differenziert.
11) NI: inklusive Proben aus VTN-Betrieben
12) NW: Sektionsbefunde
13) NI: *S*. Langeveld

Tab. 4.1.21 b): Rinder 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	siehe Anmerk.
*)	Länder						
Rinder, gesamt							
14 (19)	NW,RP,HE,	SALMONELLA	125900	7253	5,76		1),3),4)
	MV,SL,NI,SN,	S.TYPHIMURIUM	..	2233	1,77	50,89	1),3),4)
	BE,BB,ST,TH	S.INFANTIS	..	738	0,59	16,82	4)
	BY,SH,BW,	S.TYPHIMURIUM, monophasisch	..	56	0,04	1,28	2)
		S.DUBLIN	..	159	0,13	3,62	3),4)
		S.ENTERITIDIS	..	143	0,11	3,26	
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	10	0,01	0,23	
		S.HADAR	..	3	< 0,005	0,07	
		S., sonst	..	486	0,39	11,08	1)
		S., sp.	..	560	0,44	12,76	
		fehlende (missing)	..	2865			
Kälber							
9 (11)	NW,RP,BY,	SALMONELLA	7099	359	5,06		1)
	HH,BW,MV,	S.TYPHIMURIUM	..	189	2,66	67,02	
	NI,SN,ST	S.DUBLIN	..	20	0,28	7,09	
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	7	0,10	2,48	
		S.INFANTIS	..	1	0,01	0,35	
		S.HADAR	..	1	0,01	0,35	
		S., sonst	..	64	0,90	22,70	1)
		fehlende (missing)	..	77			
Milchrinder							
5 (5)	NW,MV,BW,	SALMONELLA	6751	563	8,34		1)
	NI,ST	S.TYPHIMURIUM	..	99	1,47	51,30	1)
		S.DUBLIN	..	10	0,15	5,18	
		S.ENTERITIDIS	..	2	0,03	1,04	
		S., sonst	..	82	1,21	42,49	1)
		fehlende (missing)	..	370			

Anmerkungen

1) NW: Sektionsbefunde
2) HE: *S.* Typhimurium monophasisch
3) NI: *S.* Gruppe B-Isolate stammen aus einem S. Typhimurium-Betrieb, wurden nach Rücksprache mit VA nicht weiter differenziert.
4) TH: Ausbruchsuntersuchungen gem. Rindersalmonellose-Verordnung; 2 x *S.* Muenster, 1 x *S.* Kottbus, 943 x wurde der Serotyp nicht bestimmt

Tab. 4.1.22 a): Schweine 2016 – *SALMONELLA* (Herden)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden untersucht	Pos.	%	%r	siehe Anmerk.
*)	Länder						
Schweine							
11 (12)	BW,HE,NI,RP, SH,SL,ST,TH,	SALMONELLA	2557	458	17,91		1),2), 4)–8),10)
	BY,MV,NW	S.TYPHIMURIUM	..	220	8,60	73,09	2)–4),6)–8)
		S.DERBY	..	18	0,70	5,98	2),4),7),8)
		S.LONDON	..	11	0,43	3,65	
		S.ENTERITIDIS	..	8	0,31	2,66	4)
		S.INFANTIS	..	7	0,27	2,33	
		S.DUBLIN	..	5	0,20	1,66	4),6)
		S.RISSEN	..	4	0,16	1,33	2)
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	4	0,16	1,33	
		S.OHIO	..	3	0,12	1,00	
		S.KEDOUGOU	..	3	0,12	1,00	7),8)
		S.GOLDCOAST	..	2	0,08	0,66	
		S.LIVINGSTONE	..	2	0,08	0,66	
		S.-GRUPPE E1-O-FORM	..	2	0,08	0,66	
		S.CHOLERAESUIS	..	1	0,04	0,33	4)
		S.MBANDAKA	..	1	0,04	0,33	
		S.PANAMA	..	1	0,04	0,33	
		S.-GRUPPE C-O-FORM	..	1	0,04	0,33	7),8)
		S.I-FORM	..	1	0,04	0,33	9)
		S., sp.	..	7	0,27	2,33	
		fehlende (missing)	..	157			
Zucht-Schwein							
4 (4)	BW,ST,MV,NW	SALMONELLA	85	1	1,18		
		S.TYPHIMURIUM	..	1	1,18		
Mast-Schwein							
3 (3)	RP,ST,NW	SALMONELLA	429	52	12,12		8)
		S.TYPHIMURIUM	..	34	7,93	69,39	8)
		S.LONDON	..	3	0,70	6,12	
		S.DERBY	..	3	0,70	6,12	8)
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	3	0,70	6,12	
		S.-GRUPPE E1-O-FORM	..	2	0,47	4,08	
		S.OHIO	..	1	0,23	2,04	
		S.-GRUPPE C-O-FORM	..	1	0,23	2,04	8)
		S.KEDOUGOU	..	1	0,23	2,04	8)
		S.I-FORM	..	1	0,23	2,04	
		fehlende (missing)	..	3			

Anmerkungen

1) RP: Handelsuntersuchung
2) TH: Salmonellenprogramm der Tierseuchenkasse; restliche Serovare (siehe eine Zeile weiter unten) kamen jeweils in nur einem Betrieb vor.
3) BW: In 19 Betrieben *S*. Typhimurium monophasisch: 18 x (1), 4, 12: i: -, 1 x (1), 4, 5, 12: i: -
4) BY: Krankheitsursache
5) BY: Seuchenermittlung
6) BY: Todesursache
7) NW: außerdem bei 1 Mastschwein *Salmonella* poly II
8) NW: Sektionsbefunde
9) RP: monophasisch
10) ST: Serologie, ELISA

Tab. 4.1.22 b): Schweine 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere	Pos.	%	%r	siehe
*)	Länder		untersucht				Anmerk.
Bakteriologische Untersuchungen Schweine							
13 (18)	BW,BY,HE,NI,	SALMONELLA	15491	1466	9,46		1),5)
	NW,RP,SH,SN,	S.TYPHIMURIUM	..	793	5,12	56,20	1),5)
	ST,TH,BB,BE, MV	S.TYPHIMURIUM, monophasisch	..	183	1,18	12,97	
		S.TYPHIMURIUM O:5-	..	44	0,28		3)
		S.DERBY	..	88	0,57	6,24	5)
		S.OHIO	..	38	0,25	2,69	2)
		S.RISSEN	..	36	0,23	2,55	1)
		S.INFANTIS	..	24	0,15	1,70	
		S.LIVINGSTONE	..	23	0,15	1,63	
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	23	0,15	1,63	
		S.I-FORM	..	21	0,14	1,49	1),4),6),8)
		S.LONDON	..	17	0,11	1,20	
		S.MONTEVIDEO	..	16	0,10	1,13	
		S.ENTERITIDIS	..	14	0,09	0,99	
		S.PANAMA	..	14	0,09	0,99	1)
		S.ANATUM	..	14	0,09	0,99	
		S.DUBLIN	..	11	0,07	0,78	
		S.MANHATTAN	..	8	0,05	0,57	
		S.KEDOUGOU	..	7	0,05	0,50	5)
		S.MUENCHEN	..	6	0,04	0,43	
		S.MBANDAKA	..	5	0,03	0,35	
		S.VIRCHOW	..	4	0,03	0,28	
		S.CHOLERAESUIS	..	4	0,03	0,28	2)
		S.GOLDCOAST	..	4	0,03	0,28	
		S.BRANDENBURG	..	3	0,02	0,21	
		S.BOVISMORBIFICANS	..	3	0,02	0,21	
		S.-GRUPPE E1-O-FORM	..	3	0,02	0,21	
		S.THOMPSON	..	2	0,01	0,14	
		S.BLOCKLEY	..	2	0,01	0,14	
		S.I-RAUHFORM	..	2	0,01	0,14	
		S.KENTUCKY	..	1	0,01	0,07	
		S.SENFTENBERG	..	1	0,01	0,07	
		S.IDIKAN	..	1	0,01	0,07	
		S.-GRUPPE C-O-FORM	..	1	0,01	0,07	5)
		S.-GRUPPE C1-O-FORM	..	1	0,01	0,07	
		S.-GRUPPE C2-O-FORM	..	1	0,01	0,07	7)
		S., sp.	..	37	0,24	2,62	
		fehlende (missing)	..	55			
Zuchtschwein							
4 (4)	BW,ST,MV,NW	SALMONELLA	172	1	0,58		
		S.TYPHIMURIUM	..	1	0,58		
Mastschwein							
4 (4)	BW,RP,ST,NW	SALMONELLA	1779	88	4,95		5)
		S.TYPHIMURIUM	..	63	3,54	75,00	5)
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	6	0,34	7,14	
		S.LONDON	..	4	0,22	4,76	
		S.DERBY	..	4	0,22	4,76	5)
		S.-GRUPPE E1-O-FORM	..	3	0,17	3,57	
		S.OHIO	..	1	0,06	1,19	
		S.-GRUPPE C-O-FORM	..	1	0,06	1,19	5)
		S.KEDOUGOU	..	1	0,06	1,19	5)
		S.I-FORM	..	1	0,06	1,19	6)
		fehlende (missing)	..	4			

Fortsetzung Tab. 4.1.22 b): Schweine 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere	Pos.	%	%r	siehe
*)	Länder		untersucht				Anmerk.
Serologische Untersuchungen Schweine							
7 (6)	RP,SL,SN,BB,	SALMONELLA	14370	2479	17,25		9)
	BY,ST,TH	fehlende (missing)	..	2479			
Zuchtschwein							
1 (1)	BW	SALMONELLA	2416	281	11,63		
		fehlende (missing)	..	281			
Mastschwein							
1 (1)	RP	SALMONELLA	66	5	7,58		
		fehlende (missing)	..	5			

Anmerkungen

1) TH: Salmonellenprogramm der Tierseuchenkasse; 4xS.Give; 3xS.Derby; 1xS.Lagos; 1xS.Montevideo; 1xS.Ohio; 2x wurde nicht Serovar nicht identifiziert.
2) BY: S. Ohio und S. Choleraesuis
3) NW: S. Typhimurium O:5
4) NW: *Salmonella* I 9,12:l,v:-
5) NW: Sektionsbefunde
6) RP: monophasisch
7) SN: C3
8) SN: *S. enterica* ssp. I
9) ST: Serologie, ELISA

Tab. 4.1.23 a): Übrige Nutztiere 2016 – *SALMONELLA* (Herden)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden	Pos.	%	%r	siehe
*)	Länder		untersucht				Anmerk.
Schafe							
10 (12)	BW,HE,NI,RP,	SALMONELLA	793	92	11,6		2),3),5),6)
	SH,ST,TH,BY,	S.IIIB-FORM	..	31	3,91	33,33	2)
	MV,NW	S.IIIB 61:K:1,5,(7)	..	17	2,14	18,28	
		S.III-FORM	..	8	1,01	8,60	2),3)
		S.TYPHIMURIUM	..	5	0,63	5,38	2),3)
		S.ABORTUSOVIS	..	2	0,25	2,15	
		S.-GRUPPE C-O-FORM	..	2	0,25	2,15	6)
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	2	0,25	2,15	
		S.II-FORM	..	1	0,13	1,08	
		S., sp.	..	25	3,15	26,88	1),4),6),7)
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Ziegen							
9 (10)	BW,HE,NI,RP,	SALMONELLA	268	3	1,12		2),3),6)
	ST,TH,BY,MV,	S.TYPHIMURIUM	..	1	0,37		
	NW	S.IIIB-FORM	..	1	0,37		
		fehlende (missing)	..	1			
Pferde							
10 (11)	BW,HE,NI,RP,	SALMONELLA	196	3	1,53		2),3),6),8)
	SH,ST,TH,BY,	S.TYPHIMURIUM	..	2	1,02		
	MV,NW	S., sp.	..	1	0,51		
Sonstige Einhufer							
5 (5)	BW,NI,RP,ST,TH	SALMONELLA	5	0			9)
Kaninchen							
7 (7)	BW,HE,RP,ST,	SALMONELLA	277	2	0,72		2),3),8)
	TH,BY,MV	S.ENTERITIDIS	..	1	0,36		
		S.TYPHIMURIUM	..	1	0,36		

Anmerkungen

1) BW: *S. enteritica*
2) BY: Krankheitsursache
3) BY: Todesursache
4) MV: *S* .Gruppe F-67
5) NW: Reptilien
6) NW: Sektionsbefunde
7) NW: S. poly II
8) BY: Seuchenermittlung
9) TH: Esel

Tab. 4.1.23 b): Übrige Nutztiere 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere	Pos.	%	%r	siehe
*)	Länder		untersucht				Anmerk.
Schafe							
14 (19)	BW,BY,HE,NI,	SALMONELLA	2127	149	7,01		2),5)
	NW,RP,SH,SL,	S.IIIB-FORM	..	79	3,71	51,97	1),4)
	SN,ST,TH,BB,	S.III-FORM	..	15	0,71	9,87	
	BE,MV	S.TYPHIMURIUM	..	9	0,42	5,92	
		S.ABORTUSOVIS	..	3	0,14	1,97	
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	3	0,14	1,97	
		S.IIIB 61:K:1,5,(7)	..	3	0,14	1,97	
		S.-GRUPPE C-O-FORM	..	1	0,05	0,66	5),6)
		S.IV-FORM	..	1	0,05	0,66	
		S.II-FORM	..	1	0,05	0,66	
		S., sp.	..	37	1,74	24,34	3),5),7)
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Ziegen							
15 (20)	BW,BY,HE,HH,	SALMONELLA	580	9	1,55		5)
	NI,NW,RP,SH,	S.IIIB-FORM	..	5	0,86	50,00	
	SL,SN,ST,TH,	S.TYPHIMURIUM	..	1	0,17	10,00	
	BB,BE,MV	S.ABORTUSOVIS	..	1	0,17	10,00	
		S.IIIB 61:K:1,5,(7)	..	1	0,17	10,00	
		S., sp.	..	2	0,34	20,00	
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Pferde							
14 (19)	BW,BY,HE,NI,	SALMONELLA	1045	7	0,67		5)
	NW,RP,SH,SL,	S.TYPHIMURIUM	..	5	0,48		
	SN,ST,TH,BB,	S.IIIB-FORM	..	1	0,10		
	BE,MV	S., sp.	..	1	0,10		
Sonst. Einhufer							
9 (9)	BW,BY,NI,NW, RP,SL,SN,ST,TH	SALMONELLA	13	0			8)
Kaninchen							
12 (16)	BW,BY,HE,HH,	SALMONELLA	1493	8	0,54		5),9)–11)
	NW,RP,SN,ST,	S.TYPHIMURIUM	..	4	0,27		
	TH,BB,BE,MV	S.ENTERITIDIS	..	2	0,13		
		S.DUBLIN	..	1	0,07		
		S.ANATUM	..	1	0,07		5)
Fische, eingesetzt							
2 (2)	BY,SN	SALMONELLA	253	0			
9 (9)	BW,BY,HE,HH, NI,RP,SN,MV, NW	SALMONELLA	85	0			5), 12)

Anmerkungen

1) BB: *S. diarizonae*
2) BY: beide Isolate *Salmonella* species (Maldi-TOF, biochemisch und serologisch OSA)
3) MV: *S*. Gruppe F-67
4) NW: *Salmonella* IIIb 61:-:1,5,7
5) NW: Sektionsbefunde
6) NW: *S*. poly II
7) NW: *SALMONELLA* SP.
8) TH: Esel
9) BY: Krankheitsursache
10) BY: Seuchenermittlung
11) BY: Todesursache
12) NI: Kameliden

Tab. 4.1.24: Heim- und Zootiere 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere	Pos.	%	%r	siehe
*)	Länder		untersucht				Anmerk.
Hund							
13 (18)	BW,BY,HH,NW,	SALMONELLA	2115	59	2,79		1),2),3),5)
	RP,SH,SN,ST,	S.TYPHIMURIUM	..	28	1,32	46,67	3)
	TH,BB,BE,MV,	S.ENTERITIDIS	..	5	0,24	8,33	
	NI	S.INFANTIS	..	5	0,24	8,33	
		S.GIVE	..	3	0,14	5,00	
		S.TYPHIMURIUM, monophasisch	..	2	0,09	3,33	
		S.ANATUM	..	2	0,09	3,33	
		S.DERBY	..	2	0,09	3,33	
		S.I-FORM	..	2	0,09	3,33	4)
		S.THOMPSON	..	1	0,05	1,67	
		S.LONDON	..	1	0,05	1,67	
		S.BONGORI	..	1	0,05	1,67	
		S.AMERSFOORT	..	1	0,05	1,67	2)
		S.NEWPORT	..	1	0,05	1,67	
		S.AGONA	..	1	0,05	1,67	
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	0,05	1,67	
		S., sp.	..	4	0,19	6,67	
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Katze							
14 (19)	BW,BY,HE,HH,	SALMONELLA	1319	27	2,05		2),3),5)
	NI,NW,RP,SH,	S.TYPHIMURIUM	..	17	1,29	62,96	
	SL,SN,ST,TH,	S.ENTERITIDIS	..	5	0,38	18,52	
	BB,MV	S.-GRUPPE B-O-FORM	..	2	0,15	7,41	
		S.CHOLERAESUIS	..	1	0,08	3,70	
		S.SCHLEISSHEIM	..	1	0,08	3,70	
		S.I-FORM	..	1	0,08	3,70	4)
Meerschweinchen, Kleinnager							
10 (13)	BW,BY,NW,RP,	SALMONELLA	171	2	1,17		5),6)
	SH,SN,ST,TH,	S.TYPHIMURIUM	..	1	0,58		
	BB,MV	S.-GRUPPE B-O-FORM	..	1	0,58		
Kaninchen – Heimtier							
1 (1)	BY	SALMONELLA	15	0			
Reptilien							
11 (14)	BW,BY,HE,NI,	SALMONELLA	618	219	35,44		2),7),8),11)
	NW,RP,SN,ST,	S.IIIB-FORM	..	16	2,59	6,84	7),13),14)
	TH,BB,BE	S.IV-FORM	..	9	1,46	3,85	
		S.ORANIENBURG	..	7	1,13	2,99	11)
		S.II-FORM	..	6	0,97	2,56	
		S.ENTERITIDIS	..	5	0,81	2,14	11)
		S.IIIA-FORM	..	5	0,81	2,14	
		S.IIIB 53:Z10:Z35	..	5	0,81	2,14	
		S.I-FORM	..	5	0,81	2,14	
		S.PARATYPHI B VAR. JAVA	..	4	0,65	1,71	11),12)
		S.IIIB 18:L,V:Z	..	4	0,65	1,71	
		S.TENNESSEE	..	3	0,49	1,28	
		S.MONTEVIDEO	..	3	0,49	1,28	11)
		S.IIIA 44:Z4,Z23:-	..	3	0,49	1,28	
		S.IV 11:Z4,Z23:-	..	3	0,49	1,28	
		S.IV 11:Z4,Z32:-	..	3	0,49	1,28	
		S.IV 38:Z4,Z23:-	..	3	0,49	1,28	
		S.TYPHIMURIUM	..	2	0,32	0,85	
		S.PARATYPHI B	..	2	0,32	0,85	
		S.CARRAU	..	2	0,32	0,85	

Fortsetzung Tab. 4.1.24: Heim- und Zootiere 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	siehe Anmerk.
*)	Länder						
Reptilien – Fortsetzung							
		S.ADELAIDE	..	2	0,32	0,85	
		S.MUENCHEN	..	2	0,32	0,85	
		S.BENIN	..	2	0,32	0,85	
		S.POONA	..	2	0,32	0,85	
		S.AGO	..	2	0,32	0,85	
		S.DURBAN	..	2	0,32	0,85	
		S.KOTTBUS	..	2	0,32	0,85	
		S.IIIA 41:Z4,Z23:-	..	2	0,32	0,85	11)
		S.IIIA 44:Z4,Z23,Z32:-	..	2	0,32	0,85	
		S.IIIB (6),14:Z10:Z	..	2	0,32	0,85	
		S.IIIB 50:I:Z	..	2	0,32	0,85	
		S.IIIB 48:I:Z	..	2	0,32	0,85	
		S.IIIB 65:Z10:E,N,X,Z15	..	2	0,32	0,85	16)
		S.IV 43:Z4,Z23:-	..	2	0,32	0,85	
		S.IV 44:Z4,Z32:-	..	2	0,32	0,85	
		S.IV 43:Z4,Z24:-	..	2	0,32	0,85	
		S.IV 40:Z4,Z24:-	..	2	0,32	0,85	
		S.-GRUPPE B-O-FORM	..	2	0,32	0,85	
		S.NYANZA	..	1	0,16	0,43	
		S.SCHLEISSHEIM	..	1	0,16	0,43	8)
		S.CHILE	..	1	0,16	0,43	8)
		S.FLORIDA	..	1	0,16	0,43	8)
		S.SCHWARZEN-GRUND	..	1	0,16	0,43	2)
		S.SENFTENBERG	..	1	0,16	0,43	
		S.SAINTPAUL	..	1	0,16	0,43	
		S.SANDIEGO	..	1	0,16	0,43	
		S.THOMPSON	..	1	0,16	0,43	
		S.NEWPORT	..	1	0,16	0,43	
		S.JAVIANA	..	1	0,16	0,43	
		S.OUAKAM	..	1	0,16	0,43	
		S.KISARAWE	..	1	0,16	0,43	
		S.UZARAMO	..	1	0,16	0,43	
		S.BLIJDORP	..	1	0,16	0,43	
		S.GAMINARA	..	1	0,16	0,43	
		S.JANGWANI	..	1	0,16	0,43	
		S.CERRO	..	1	0,16	0,43	
		S.BLUKWA	..	1	0,16	0,43	
		S.MINNESOTA	..	1	0,16	0,43	
		S.POMONA	..	1	0,16	0,43	
		S.HERMANNS-WERDER	..	1	0,16	0,43	
		S.COTHAM	..	1	0,16	0,43	
		S.CHAMPAIGN	..	1	0,16	0,43	
		S.BERKELEY	..	1	0,16	0,43	
		S.II 6,7:M,T:-	..	1	0,16	0,43	
		S.II 21:G,T:-	..	1	0,16	0,43	
		S.II 42:(F),G,T:-	..	1	0,16	0,43	
		S.IIIA 51:Z4,Z23:-	..	1	0,16	0,43	
		S.IIIA 56:Z4,Z23,Z32:-	..	1	0,16	0,43	
		S.IIIB 35:Z52:E,N,X,Z15	..	1	0,16	0,43	15)
		S.IIIB 35:K:E,N,X,Z15	..	1	0,16	0,43	
		S.IIIB 38:(K):Z35	..	1	0,16	0,43	

Fortsetzung Tab. 4.1.24: Heim- und Zootiere 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere	Pos.	%	%r	siehe
*)	Länder		untersucht				Anmerk.
Reptilien – Fortsetzung							
		S.IIIB 42:L,V:1,5,7	..	1	0,16	0,43	
		S.IIIB 47:I:Z53:[Z57]	..	1	0,16	0,43	
		S.IIIB 48:Z52:Z	..	1	0,16	0,43	
		S.IIIB 50:L,V:Z	..	1	0,16	0,43	
		S.IIIB 50:R:Z	..	1	0,16	0,43	
		S.IIIB 58:R:Z53:[Z57]	..	1	0,16	0,43	
		S.IIIB 61:I:Z	..	1	0,16	0,43	
		S.IIIB 61:R:Z53	..	1	0,16	0,43	
		S.IIIB 61:Z52:Z53	..	1	0,16	0,43	
		S.IIIB 47:Z10:Z35	..	1	0,16	0,43	11)
		S.IIIB 57:C:Z	..	1	0,16	0,43	11)
		S.IIIB 50:(K):Z	..	1	0,16	0,43	
		S.IV 44:Z4,Z24:-	..	1	0,16	0,43	
		S.IV 44:Z4,Z23:-	..	1	0,16	0,43	
		S.IV 50:G,Z51:-	..	1	0,16	0,43	
		S.IV 43:Z4,Z32:-	..	1	0,16	0,43	
		S.-GRUPPE C1-O-FORM	..	1	0,16	0,43	
		S.-RAUHFORM	..	1	0,16	0,43	
		S., sp.	..	57	9,22	24,36	9),10)
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Heimtiere, sonst							
8 (8)	BW,NI,SN,ST,	SALMONELLA	139	2	1,44		2),6),17)
	BB,BY,MV,NW	S.III-FORM	..	2	1,44		6)
Zootiere							
12 (15)	BW,BY,HE,NI,	SALMONELLA	4686	145	3,09		18),19),20),21)
	NW,SN,ST,TH,	S.IIIB-FORM	..	22	0,47	22,92	19)
	BB,BE,MV,SL	S.TYPHIMURIUM	..	14	0,30	14,58	18)
		S.ENTERITIDIS	..	8	0,17	8,33	
		S.IV-FORM	..	8	0,17	8,33	
		S.YOVOKOME	..	5	0,11	5,21	
		S.II-FORM	..	5	0,11	5,21	
		S.TENNESSEE	..	4	0,09	4,17	
		S.BONGORI	..	4	0,09	4,17	
		S.IIIA-FORM	..	4	0,09	4,17	
		S.MIAMI	..	2	0,04	2,08	
		S.SENFTENBERG	..	2	0,04	2,08	
		S.TYPHIMURIUM, monophasisch	..	1	0,02	1,04	
		S.VIRCHOW	..	1	0,02	1,04	
		S.SANDIEGO	..	1	0,02	1,04	
		S.POONA	..	1	0,02	1,04	
		S.MUENCHEN	..	1	0,02	1,04	
		S.EASTBOURNE	..	1	0,02	1,04	
		S.THOMPSON	..	1	0,02	1,04	
		S.IIIB 65:Z52:E,N,X,Z15	..	1	0,02	1,04	16)
		S.-GRUPPE E1-O-FORM	..	1	0,02	1,04	22)
		S.-GRUPPE E4-O-FORM	..	1	0,02	1,04	
		S., sp.	..	8	0,17	8,33	
		fehlende (missing)	..	49			

Fortsetzung Tab. 4.1.24: Heim- und Zootiere 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere)

Anmerkungen

1) TH: Serovar wurde nicht identifiziert
2) BY: Krankheitsursache
3) BY: Seuchenermittlung
4) MV,ST: *S.* Subspez. I monophasisch
5) NW: Sektionsbefunde
6) BY: Todesursache
7) RP: 2 versch. Biovare bei einem Tier!
8) TH: pos. Befund bei Agame, Schildkröte und Schlange
9) BW: Gruppe Poly III
10) BY: *S.* Subsp. II, IIIa, IIIb, IV
11) NW: Zum Teil sind bei einem Tier zwei und mehr verschiedene Serovare isoliert worden.
12) NW: *SALMONELLA* PARATYPHI B DT+, SA
13) NW: *Salmonella* IIIb 61:-:1,5,7
14) NW: *Salmonella* IIIb 6,14:z10:z
15) NW: *Salmonella* IIIb 35:z52:e,n,x,z
16) NW: *Salmonella* IIIb 65:z10:e,n,x,z
17) NI: Frettchen
18) NI: Mara, 2 Affen
19) TH: pos. Befund bei Kamerunschaf
20) BY: *Salmonella* sp., aus der Leber einer Königspython
21) BY: Kameliden
22) SN: E2

Tab. 4.1.25: Wildtiere – 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere	Pos.	%	%r	siehe
*)	Länder		untersucht				Anmerk.
Jagdwild, in Gehegen							
5 (5)	RP,ST,BY,MV,	SALMONELLA	31	1	3,23		1),2),3)
	NW	S.ENTERITIDIS	..	1	3,23		
Jagdwild, freilebend							
14 (15)	BW,HE,HH,NI,	SALMONELLA	1561	110	7,05		1)-9),15)
	NW,RP,SH,SN,	S.I-FORM	..	34	2,18	31,19	7),11)
	ST,TH,BB,BE,	S.TYPHIMURIUM	..	22	1,41	20,18	4)
	BY,MV	S.ENTERITIDIS	..	10	0,64	9,17	7)
		S.CHOLERAESUIS V.KUNZENDORF	..	7	0,45	6,42	9),10)
		S.CHOLERAESUIS	..	5	0,32	4,59	2),7)
		S.-GRUPPE C1 MONOPHASISCH	..	5	0,32	4,59	4),14)
		S.-GRUPPE C1-O-FORM	..	4	0,26	3,67	13)
		S.HESSAREK	..	3	0,19	2,75	12)
		S.DUBLIN	..	1	0,06	0,92	
		S.INFANTIS	..	1	0,06	0,92	
		S.DURHAM	..	1	0,06	0,92	7)
		S.WIEN	..	1	0,06	0,92	
		S.-GRUPPE C-O-FORM	..	1	0,06	0,92	3),15)
		S., sp.	..	14	0,90	12,84	
		fehlende (missing)	..	1			
Wildschweine							
2 (2)	BY,RP	SALMONELLA	102	5	4,90		
		S.CHOLERAESUIS	..	4	3,92		
		S.HESSAREK	..	1	0,98		
Mäuse							
6 (7)	BY,HE,SN,TH,	SALMONELLA	49	3	6,12		
	BW,NW	S.INFANTIS	..	2	4,08		
		S.TYPHIMURIUM	..	1	2,04		
Ratten							
5 (5)	BY,SN,TH,BW, NW	SALMONELLA	42	0			
Igel							
1 (1)	HH	SALMONELLA	14	2	14,29		
		S.ENTERITIDIS	..	2	14,29		
Biber							
1 (1)	BY	SALMONELLA	8	1	12,50		
		S.III-FORM	..	1	12,50		
Wildtiere, sonst							
12 (13)	BW,HE,HH,NI, NW,SL,SN,ST,	SALMONELLA	414	31	7,49		2),3),6),9), 16)–18)
	TH,BB,BE,BY	S.ENTERITIDIS	..	10	2,42	35,71	3),6),18)
		S.TYPHIMURIUM	..	8	1,93	28,57	17)
		S.HESSAREK	..	2	0,48	7,14	
		S.III-FORM	..	2	0,48	7,14	9)
		S.TYPHIMURIUM, monophasisch	..	1	0,24	3,57	
		S.CHOLERAESUIS	..	1	0,24	3,57	
		S.EBOKO	..	1	0,24	3,57	
		S.COLORADO	..	1	0,24	3,57	6)
		S.-GRUPPE C1-O-FORM	..	1	0,24	3,57	6)
		S., sp.	..	1	0,24	3,57	
		fehlende (missing)	..	3			

Fortsetzung Tab. 4.1.25: Wildtiere-SALMONELLA 2016 – *SALMONELLA*

Anmerkungen

1) BY: Krankheitsursache
2) BY: Todesursache
3) NW: Sektionsbefunde
4) NI: Jagdwild – Schwarzwildprojekt
5) SH: ZSP 2016 WI 9
6) SN: AVV-Zoonose-Monitoring
7) TH: S. Subspezies I bei Wildschweinen, S. Enteritidis bei Dachs, S. Choleraesuis bei Wildschwein
8) BW,NW: AVV-Zoonosen-Stichprobenplan
9) BY: Seuchenermittlung
10) HE: S. Choleraesuis var. Kunzendorf
11) MV,RP,ST: S. Subspez. I monophasisch
12) NI: S. Hessarcke
13) NI: S. Sp.I 6,7;-;H 1,5
14) NI: S. Sp.I monophasisch 6,7-:1,5
15) NW: 1 Wildschwein
16) BW: Z 2016 Wi 9
17) TH: pos. Befund bei Rentier
18) NW: 1 Igel

Tab. 4.1.26: Futtermittel, Inland und Binnenmarkt 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	Proben	Pos.	%	%r	siehe
*)	Länder		untersucht				Anmerk.
Fischmehl							
1 (1)	NI	SALMONELLA	20	0			
Tier/Fleischmehle							
3 (4)	NI,NW,SN	SALMONELLA	138	1	0,72		
		S.MONTEVIDEO	..	1	0,72		
Blut, -produkte							
2 (2)	NI,NW	SALMONELLA	26	1	3,85		
		S.INFANTIS	..	1	3,85		
Fleischfresser-Nahrung (für Hunde, Katzen etc.)							
11 (10)	BB,BE,BY,HE,	SALMONELLA	220	4	1,82		2),9)
	MV,NI,NW,RP,	S.TYPHIMURIUM	..	3	1,36	75,00	
	SN,ST,TH	S.ORANIENBURG	..	1	0,45	25,00	
Eifutter							
1 (1)	NI	SALMONELLA	5	1	20,00		3)
		S.ISANGI	..	1	20,00		3)
Milch, -produkte, nicht für menschlichen Konsum							
2 (2)	NI,SN	SALMONELLA	12	0			
Ölfrüchte-Extraktionsschrote, Proteinkonzentrate, gesamt							
7 (7)	NI,BY,NW,MV,	SALMONELLA	142	5	3,52		
	SN,BB,TH	S.ORANIENBURG	..	2	1,41		
		S.AGONA	..	2	1,41		
		S.LIVERPOOL	..	1	0,70		
Rapssaat und Presskuchen							
6 (6)	NI,BY,NW,MV,	SALMONELLA	60	2	3,33		1)
	BB,TH	S.ORANIENBURG	..	2	3,33		
Sojabohnen und Presskuchen							
4 (4)	NI,BY,BB,TH	SALMONELLA	61	1	1,64		1)
		S.LIVERPOOL	..	1	1,64		
Sonnenblumenkerne und Presskuchen							
3 (3)	NI,BY,SN	SALMONELLA	14	2	14,29		
		S.AGONA	..	2	14,29		
Getreide, Schrot, Mehl, gesamt							
7 (7)	NI,BY,NW,BW,	SALMONELLA	117	1	0,85		1),4)
	BB,ST,TH	S.INFANTIS	..	1	0,85		1)
Gerste (und Derivate)							
3 (4)	NI,NW,BB	SALMONELLA	10	0			
Weizen (und Derivate)							
4 (4)	NI,BY,NW,BB	SALMONELLA	46	0			
Mais (und Derivate)							
4 (4)	NI,NW,BB,TH	SALMONELLA	24	0			
Silage							
4 (5)	NI,NW,SN,TH	SALMONELLA	37	0			1)
Heu, auch Einstreu							
4 (4)	NI,SN,ST,TH	SALMONELLA	20	1	5,00		1)
		S.INFANTIS	..	1	5,00		1)
Mischfutter							
5 (6)	NI,BY,NW,MV,	SALMONELLA	1351	39	2,89		5)
	TH	S.INFANTIS	..	25	1,85	64,10	
		S.AGONA	..	7	0,52	17,95	
		S.MONTEVIDEO	..	2	0,15	5,13	
		S.HAVANA	..	1	0,07	2,56	
		S.CUBANA	..	1	0,07	2,56	
		S.SENFTENBERG	..	1	0,07	2,56	
		S.THOMPSON	..	1	0,07	2,56	
		S.I-FORM	..	1	0,07	2,56	

Fortsetzung Tab. 4.1.26: Futtermittel, Inland und Binnenmarkt 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	Proben	Pos.	%	%r	siehe
*)	Länder		untersucht				Anmerk.
Mischfutter, pelletiert							
3 (3)	NI,BY,TH	SALMONELLA	12	0			1),5)
Futter für Rinder							
4 (4)	NI,BY,NW,TH	SALMONELLA	80	2	2,50		
		S.TYPHIMURIUM	..	1	1,25		
		S.INFANTIS	..	1	1,25		
Futter für Rinder, nicht pelletiert							
3 (3)	NI,BY,TH	SALMONELLA	34	2	5,88		1)
		S.TYPHIMURIUM	..	1	2,94		
		S.INFANTIS	..	1	2,94		1)
Futter für Rinder, pelletiert							
3 (3)	NI,BY,TH	SALMONELLA	37	0			1)
Futter für Schweine							
4 (4)	NI,RP,NW,BB	SALMONELLA	171	0			6)
Futter für Schweine, nicht pelletiert							
1 (1)	NI	SALMONELLA	74	0			
Futter für Schweine, pelletiert							
1 (1)	NI	SALMONELLA	75	0			
Futter für Hühner							
8 (9)	NI,RP,BY,HH,	SALMONELLA	268	4	1,49		
	NW,MV,BB,TH	S.AGONA	..	3	1,12		
		S.MONTEVIDEO	..	1	0,37		
Futter für Hühner, nicht pelletiert							
3 (3)	NI,BY,MV	SALMONELLA	125	4	3,20		
		S.AGONA	..	3	2,40		
		S.MONTEVIDEO	..	1	0,80		
Futter für Hühner, pelletiert							
3 (3)	NI,BY,NW	SALMONELLA	64	0			
Speisereste, behandelt							
2 (2)	NI,NW	SALMONELLA	34	0			
Zusatzstoffe							
1 (1)	NI	SALMONELLA	33	0			
Futtermittel, sonst							
5 (5)	BW,BY,NW,SN,	SALMONELLA	107	16	14,95		1),4),8)
	TH	S.DERBY	..	5	4,67	29,41	
		S.NEWPORT	..	5	4,67	29,41	
		S.TYPHIMURIUM	..	3	2,80	17,65	
		S.SENFTENBERG	..	2	1,87	11,76	
		S.SAINTPAUL	..	1	0,93	5,88	
		S.IIIB-FORM	..	1	0,93	5,88	
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Tupferproben aus Futtermittelbetrieben							
1 (1)	TH	SALMONELLA	1	1	100		1)
		S.INFANTIS	..	1	100		1)

Anmerkungen

1) TH: ISO 6579: 2002+A1: 2007 Anhang D
2) TH: Hundefutter (Dose)
3) NI: Eipulver
4) BW: aus Schweinebeständen
5) NI: Pferde
6) RP: Traubenzucker
7) NI: Flüssigfutter
8) BY: DIN EN ISO 19250
9) NW: Legehennen (Suppenhühnchen), Futtermittel

Tab. 4.1.27: *SALMONELLA* in Futtermittel, Inland und Binnenmarkt, nach Handelsstufen 2016

Futtermittel	Handelsstufe[1)]	Proben-zahl	SALMONELLA%	*S.* Infantis %	*S.* Typhimu-rium %	*S.*, sonst/ n. spez. %
Fischmehl, Rohmaterialien	Rohmaterialien	8				
	Produktion	12				
Tier/Fleischmehle	Rohmaterialien	8				
	Produktion	116	0,86			0,86
	im Handel	4				
	o. Angabe	10				
Blut, -produkte	Rohmaterialien	4	25,00	25,00		
	Produktion	22				
Fleischfresser-Nahrung	Rohmaterialien	3				
für Hunde, Katzen etc.	Produktion	82	2,44		1,22	1,22
	im landw. Be-trieb	1				
	im Handel	83	2,41		2,41	
	o. Angabe	50				
Eifutter	Produktion	5	20,00			20,00
Milch, -produkte, nicht	Produktion	6				
für menschl. Konsum	im Handel	6				
Ölfrüchte-	Rohmaterialien	29	10,34			10,34
Extraktionsschrote,	Produktion	61				
Proteinkonzentrate,	im landw. Be-trieb	28				
gesamt	im Handel	22	9,09			9,09
	o. Angabe	2				
Rapssaat und	Rohmaterialien	4	50,00			50,00
Presskuchen	Produktion	32				
	im landw. Be-trieb	10				
	im Handel	12				
	o. Angabe	2				
Palmkerne und	Produktion	3				
Presskuchen						
Sojabohnen und	Rohmaterialien	16				
Presskuchen	Produktion	18				
	im landw. Be-trieb	17				
	im Handel	10	10,00			10,00
Sonnenblumenkerne	Rohmaterialien	10	10,00			10,00
und Presskuchen	Produktion	3				
	im Handel	1	100			100
Leinsamen	Produktion	3				
und Presskuchen						
Getreide, Schrot, Mehl,	Rohmaterialien	18				
gesamt	Produktion	48				
	im landw. Be-trieb	19	5,26	5,26		
	im Handel	27				
	o. Angabe	5				
Gerste (und Derivate)	Rohmaterialien	3				
	im Handel	6				
	o. Angabe	1				
Weizen (und Derivate)	Rohmaterialien	6				
	Produktion	30				
	im Handel	6				
	o. Angabe	4				
Mais (und Derivate)	Rohmaterialien	9				
	Produktion	12				
	im landw. Be-trieb	1				
	im Handel	2				

Fortsetzung Tab. 4.1.27: *SALMONELLA* in Futtermittel, Inland und Binnenmarkt, nach Handelsstufen 2016

Futtermittel	Handelsstufe[1)]	Proben-zahl	SALMONELLA%	*S.* Infantis %	*S.* Typhimu-rium %	*S.*, sonst/ n.spez. %
Silage	Rohmaterialien	1				
	im landw. Betrieb	28				
	im Handel	8				
Heu, auch Einstreu	Produktion	4				
	im landw. Betrieb	12	8,33	8,33		
	im Handel	4				
Mischfutter	Produktion	5				
	im landw. Betrieb	4				
	im Handel	14				
	o. Angabe	1328	2,94	1,88		1,06
Mischfutter, pelletiert	Produktion	5				
	im landw. Betrieb	1				
	im Handel	6				
Mischfutter,	im Handel	8				
nicht pelletiert						
Futter für Rinder	Produktion	52				
	im landw. Betrieb	16	12,50	6,25	6,25	
	im Handel	7				
	o. Angabe	5				
Futter für Rinder,	Produktion	21				
nicht pelletiert	im landw. Betrieb	13	15,38	7,69	7,69	
Futter für Rinder,	Produktion	31				
pelletiert	im landw. Betrieb	3				
	im Handel	3				
Futter für Schweine	Produktion	136				
	im landw. Betrieb	14				
	im Handel	12				
	o. Angabe	9				
Futter für Schweine,	Produktion	61				
nicht pelletiert	im landw. Betrieb	13				
Futter für Schweine,	Produktion	75				
pelletiert						
Futter für Hühner	Produktion	174	1,15			1,15
	im landw. Betrieb	15	13,33			13,33
	im Handel	53				
	o. Angabe	26				
Futter für Hühner,	Produktion	112	1,79			1,79
nicht pelletiert	im landw. Betrieb	11	18,18			18,18
	im Handel	2				
Futter für Hühner,	Produktion	57				
pelletiert	im Handel	7				

Anmerkungen

1) Produktion = in Produktion (Endphase vor Sackung/Abfüllung), Handel = im Handel gelagerte oder transportierte fertige Futtermittel, landwirt. Betrieb = im landwirtschaftlichen Betrieb verwendete Futtermittel

Tab. 4.1.28: Tierische Futtermittel, Importe aus Drittländern 2016 – *SALMONELLA*

Quelle *)		Zoonosenerreger	Sendungen unters.	pos.	%	%r	Gewicht (t) untersucht	pos.	%		Anmerkung
Fischmehl, Mehl, lose, insgesamt importiert											
1 (1)	HB	SALMONELLA	237	9	3,80		160966	15592	9,69		1)
		S.TENNESSEE	..	4	1,69	22,22	..	3126	1,94	13,19	
		S.LIVERPOOL	..	3	1,27	16,67	..	2506	1,56	10,57	
		S.SCHWARZEN-GRUND	..	2	0,84	11,11	..	2506	1,56	10,57	
		S.KENTUCKY	..	2	0,84	11,11	..	3000	1,86	12,66	
		S.MUENSTER	..	2	0,84	11,11	..	3203	1,99	13,51	
		S.DERBY	..	1	0,42	5,56	..	302	0,19	1,27	
		S.MBANDAKA	..	1	0,42	5,56	..	2001	1,24	8,44	
		S.GOELZAU	..	1	0,42	5,56	..	3000	1,86	12,66	
		S.SENFTENBERG	..	1	0,42	5,56	..	1058	0,66	4,46	
		S.NOTTINGHAM	..	1	0,42	5,56	..	3000	1,86	12,66	
Fischmehl, Mehl, lose, importiert aus: Chile											
1 (1)	HB	SALMONELLA	2	0			1029	0			
Fischmehl, Mehl, lose, importiert aus: Marokko											
1 (1)	HB	SALMONELLA	35	3	8,57		40414	7204	17,83		
		S.SCHWARZEN-GRUND	..	2	5,71		..	4507	11,15	28,69	
		S.LIVERPOOL	..	3	8,57		..	4507	11,15	28,69	
		S.MBANDAKA	..	1	2,86		..	2001	4,95	12,74	
		S.MUENSTER	..	1	2,86		..	2001	4,95	12,74	
		S.TENNESSEE	..	2	5,71		..	2696	6,67	17,16	
		Mehrfachisolate (add.isol.)									
Fischmehl, Mehl, lose, importiert aus: Mauretanien											
1 (1)	HB	SALMONELLA	4	2			24042	6381	26,54		
		S.KENTUCKY	4	3			..	3000	12,48	33,33	
		S.MUENSTER	4	1				1202	5,00	11,78	
		S.GOELZAU	4	1			..	3000	12,48	33,33	
		S.NOTTINGHAM	4	1			..	3000	12,48	33,33	
		S.MUENSTER	4	1							
		Mehrfachisolate (add.isol.)									
Fischmehl, Mehl, lose, importiert aus: Panama											
1 (1)	HB	SALMONELLA	13	1	7,69		4091	302	7,38		
		S.DERBY	..	1	7,69		..	302	7,38	100	
Fischmehl, Mehl, lose, importiert aus: Peru											
1 (1)	HB	SALMONELLA	94	2			61430	647	1,05		
		S.TENNESSEE		2			..	647	1,05	100	
Fischmehl, Mehl, lose, importiert aus: Südafrika											
1 (1)	HB	SALMONELLA	1	0			5471	0			
Fischmehl, Mehl, lose, importiert aus: Uruguay – Krillmehl											
1 (1)	HB	SALMONELLA	72	0			16253	0			1)
Fischmehl, Mehl, lose, importiert aus: USA											
1 (1)	HB	SALMONELLA	16	1	6,25		8236	1058	12,85		
		S.SENFTENBERG	..	1	6,25		..	1058	12,85	100	

Fortsetzung Tab. 4.1.28: Tierische Futtermittel, Importe aus Drittländern 2016 – *SALMONELLA*

Quelle *)		Zoonosenerreger	Sendungen unters.	pos.	%	%r	Gewicht (t) untersucht	pos.	%		Anmerkung
Tiermehl, importiert aus: Neuseeland											
1 (1)	HH	SALMONELLA	27	1	3,70		1151	0			3)
		S.BRANDENBURG	..	1	3,70						3)
Tiermehl, importiert aus: Südafrika											
1 (1)	HH	SALMONELLA	3	0			65	0			4)
Tiermehl, importiert aus: Thailand											
1 (1)	HH	SALMONELLA	4	0			80	0			5)
Fleischfresser-Nahrung (für Hunde, Katzen etc.), insgesamt importiert											
1 (1)	HH	SALMONELLA	91	12	13,19		1264	10	0,79		
		S.I-FORM	..	3	3,30	25,00		1	0,08		
		S.NEWPORT	..	2	2,20	16,67		1	0,08		
		S.ANATUM	..	2	2,20	16,67		1	0,08		
		S.TYPHIMURIUM	..	1	1,10	8,33		1	0,08		
		S.HAIFA	..	1	1,10	8,33		1	0,08		
		S.KENTUCKY	..	1	1,10	8,33		1	0,08		
		S.GIVE	..	1	1,10	8,33					
		S.HAVANA	..	1	1,10	8,33					
Fleischfresser-Nahrung (für Hunde, Katzen etc.), importiert aus: Argentinien											
1 (1)	HH	SALMONELLA	1	0			7	0			
Fleischfresser-Nahrung (für Hunde, Katzen etc.), importiert aus: Brasilien											
1 (1)	HH	SALMONELLA	6	0			36	0			
Fleischfresser-Nahrung (für Hunde, Katzen etc.), importiert aus: China											
1 (1)	HH	SALMONELLA	24	0			165	0			
Fleischfresser-Nahrung (für Hunde, Katzen etc.), importiert aus: Indien											
1 (1)	HH	SALMONELLA	42	10	23,81		928	10	1,08		
		S.I-FORM	..	3	7,14	30,00	..	1	0,11		
		S.NEWPORT	..	2	4,76	20,00	..	1	0,11		
		S.ANATUM	..	2	4,76	20,00	..	1	0,11		
		S.TYPHIMURIUM	..	1	2,38	10,00	..	1	0,11		
		S.HAIFA	..	1	2,38	10,00	..	1	0,11		
		S.KENTUCKY	..	1	2,38	10,00	..	1	0,11		
		fehlende (missing)	..				..	4			
Fleischfresser-Nahrung (für Hunde, Katzen etc.), importiert aus: Indonesien											
1 (1)	HH	SALMONELLA	1	0			5	0			
Fleischfresser-Nahrung (für Hunde, Katzen etc.), importiert aus: Kolumbien											
1 (1)	HH	SALMONELLA	1	0			2	0			
Fleischfresser-Nahrung (für Hunde, Katzen etc.), importiert aus: Mexiko											
1 (1)	HH	SALMONELLA	5	1	20,00		41	0			
		S.GIVE	..	1	20,00						
Fleischfresser-Nahrung (für Hunde, Katzen etc.), importiert aus: Sri Lanka											
1 (1)	HH	SALMONELLA	1	0			4	0			
Fleischfresser-Nahrung (für Hunde, Katzen etc.), importiert aus: Thailand											
1 (1)	HH	SALMONELLA	3	0			30	0			
Fleischfresser-Nahrung (für Hunde, Katzen etc.), importiert aus: Türkei											
1 (1)	HH	SALMONELLA	7	1	14,29		46	0			
		S.HAVANA	..	1	14,29						
Futter für Fische, importiert aus: China											
1 (1)	HH	SALMONELLA	3	0			19	0			2)

Anmerkungen

1) HB: Krillmehl
2) HH: Fischfutter, importiert
3) HH: Schafs- und Lamm-Mehl u.ä.
4) HH: Straußenmehl, importiert
5) HH: Thunfischmehl, insgesamt importiert

Tab. 4.1.29: Umweltproben 2016 – *SALMONELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	Proben	Pos.	%	%r	siehe
*)	Länder		untersucht				Anmerk.
Umgebungsproben, Stallungen, Gehege							
4 (4)	BW,TH,BY,RP	SALMONELLA	1520	45	2,96		1),2),3)
		S.INFANTIS	..	28	1,84	62,22	2)
		S.ENTERITIDIS	..	10	0,66	22,22	1)
		S.TYPHIMURIUM	..	6	0,39	13,33	1)
		S.AGONA	..	1	0,07	2,22	
Tränkewasser							
8 (8)	BW,NI,ST,TH,BB,	SALMONELLA	76	3	3,95		2),4),5)
	BY,NW,SN	S.INFANTIS	..	2	2,63		2)
		fehlende (missing)	..	1			
Sonstige Gewässer							
1 (1)	TH	SALMONELLA	5	2	40,00		2)
		S.INFANTIS	..	2	40,00		2)
Abwasser/-schlamm							
3 (3)	HE,TH,BB	SALMONELLA	27	14	51,85		
		S.DERBY	..	1	3,70		
		S.TENNESSEE	..	1	3,70		
		S.RUBISLAW	..	1	3,70		
		fehlende (missing)	..	11			
Düngemittel, tierisch							
3 (3)	HE,TH,BB	SALMONELLA	11	5	45,45		2)
		S.TYPHIMURIUM	..	3	27,27		2)
		fehlende (missing)	..	2			
Organische Düngemittel n. Art 5 (2) c I, 1774/2002							
3 (3)	HE,MV,TH	SALMONELLA	114	0			6)
Kompost							
5 (5)	HE,MV,NI,BB,TH	SALMONELLA	20	0			
Umweltproben, sonst							
4 (4)	MV,RP,ST,TH	SALMONELLA	31	3	9,68		2),7),8)
		S.INFANTIS	..	2	6,45		2)
		S.TYPHIMURIUM	..	1	3,23		7),8)

Anmerkungen

1) BW: aus Schweinebeständen
2) TH: ISO 6579: 2002+A1: 2007 Anhang D
3) RP: 6 von Schweinen, 2 von Geflügel
4) BY: DIN EN ISO 19250
5) BY: VIDAS
6) TH: 2 BioAbfV
7) RP: Staub
8) RP: Hausschwein

4.2 Campylobacter

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“ sowie dem NRL für *Campylobacter*

A. Käsbohrer, B.-A. Tenhagen, K. Stingl, M. Hartung

4.2.1 Einleitung

Campylobacter spp. wurde 2016 wie in den Vorjahren als häufigste Infektionsursache bei den gemeldeten lebensmittelbedingten zoonotischen Infektionen des Menschen festgestellt. Die Zahl der gemeldeten Infektionen stieg gegenüber dem Vorjahr um 5 % auf 73.999 Erkrankungen an. Die Inzidenz lag somit bei 90 Erkrankungen je 100.000 Einwohner. Von den Isolaten, bei denen Angaben zur Spezies vorlagen, entfielen 72 % auf *C. jejuni*, 10 % auf *C. coli* und 18 % auf *C. coli* oder *C. jejuni* (nicht differenziert). Die übrigen Spezies, z.B. *C. lari*, *C. fetus* und *C. upsaliensis*, wurden jeweils in weniger als 1 % der Fälle angegeben. Es wurden vier Todesfälle berichtet (RKI, 2017). Die Entwicklung der *Campylobacter*-Infektionen des Menschen ist für 2002–2016 in Abb. 4.2.1 dargestellt.

Bei den folgenden Ausführungen werden insbesondere thermophile *Campylobacter* (*C. jejuni* und *C. coli*) beachtet, da hauptsächlich diese die Campylobacteriose des Menschen hervorrufen.

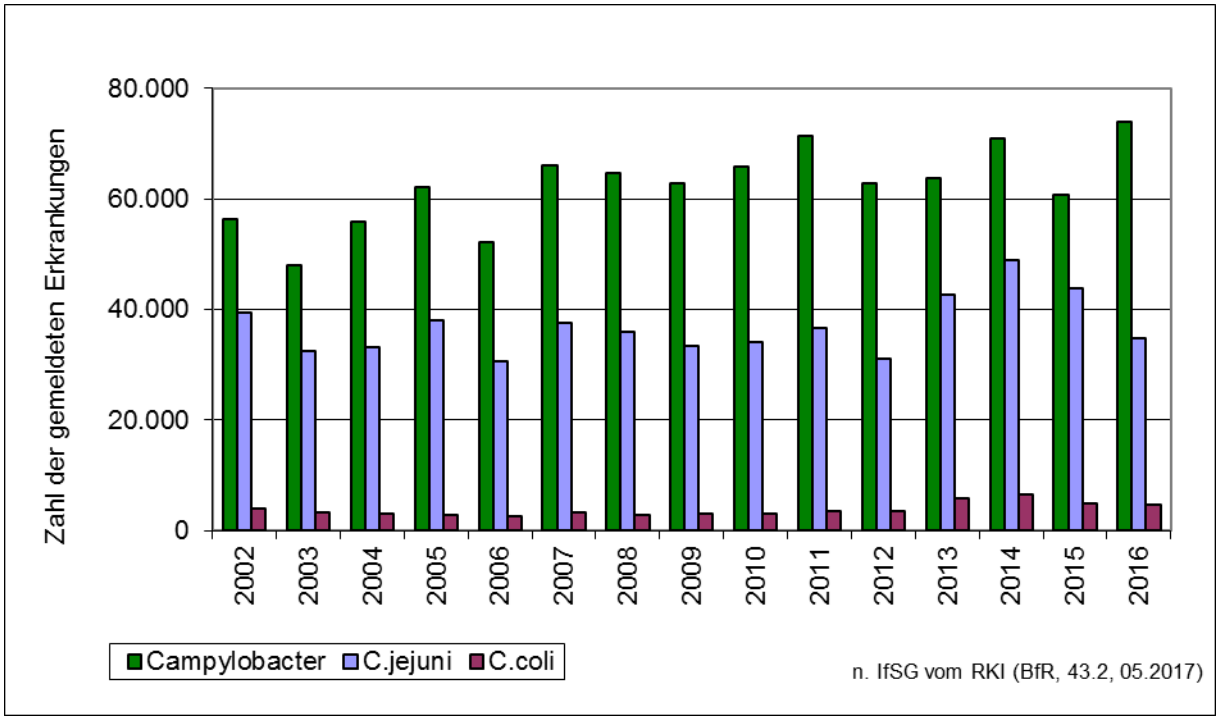

Abb. 4.2.1: *Campylobacter*-Infektionen beim Menschen 2002–2016 (Quelle: RKI, 2017)

4.2.2 Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016

Im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016 wurden Blinddarmproben von Masthähnchen und Mastputen am Schlachthof, Halshaut von Masthähnchen am Schlachthof sowie frisches Fleisch (ohne Haut) von Masthähnchen und Mastputen auf *Campylobacter* spp. untersucht. Dabei erfolgte die Untersuchung der Blinddarmproben und des Fleisches qualitativ, die Untersuchung von Halshautproben auch quantitativ (Tab. 4.2.1–4.2.3).

In Poolproben von Blinddarminhalt von Masthähnchen am Schlachthof wurden *Campylobacter* spp. zu 43,5 % nachgewiesen. Halshaut vom Schlachtkörper der Masthähnchen war mit 76,9 % positiver Proben signifikant häufiger mit den Erregern kontaminiert.

In 48,2 % der Halshautproben ließen sich mit der quantitativen Methode *Campylobacter* spp. nachweisen (Abb. 4.2.2). 8,0 % der Proben wiesen Keimzahlen zwischen 10 und 100 KbE/g auf. Bei 16,1 % der quantitativ untersuchten Halshautproben wurden Keimzahlen zwischen 100 und 1.000 KbE/g ermittelt. Keimzahlen von über 1.000 KbE/g wurden in 24,1 % der Proben nachgewiesen. Dabei wurden bei 75,8 % (n=50) der Proben mit Keimzahlen > 1.000 KbE/g Keimgehalte von 10.000 KbE/g nicht überschritten. Bei 13 Proben (19,7 %) mit Keimzahlen > 1.000 KbE/g traten höhere Keimzahlen auf, der höchste Wert betrug 74.000 KbE/g. Sehr hohe Keimzahlen von über 100.000 KbE/g wurden in drei Proben (4,5 %) nachgewiesen. In 30,8 % der Halshautproben von Masthähnchenschlachtkörpern, die von Schlachthöfen mit Bandgeschwindigkeiten ≤ 10.000 Tiere/h stammten, wurden Keimzahlen von über 1.000 KbE/g nachgewiesen (s. Abb. 4.2.2). In Halshautproben aus Schlachthöfen mit Bandgeschwindigkeiten > 10.000 Tiere/h traten Keimzahlen von über 1.000 KbE/g dagegen zu 20,5 % auf (Abb. 4.2.4). In Schlachthöfen mit Schlachtkapazitäten < 20.0000 Tiere/d wiesen 25,2 % der Proben Keimgehalte von über 1.000 KbE/g an *Campylobacter* spp. auf (s. Abb. 4.2.5). Halshautproben aus Schlachthöfen mit Schlachtkapazitäten > 200.000 Tiere/d wiesen zu 23,4 % Keimzahlen von über 1.000 KbE/g auf (s. Abb. 4.2.2).

In Poolproben von Blinddarminhalt von Mastputen am Schlachthof betrug die *Campylobacter*-Nachweisrate 73,7 %. Frisches Putenfleisch im Einzelhandel war zu 15,9 % mit *Campylobacter* spp. kontaminiert.

Tab. 4.2.1: Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Masthähnchen sowie in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel 2016

Matrix	untersuchte Proben (N)	*Campylobacter* - positive Proben (n)	95% Konfidenzintervall
Masthähnchen			
Schlachthof			
Blinddarminhalt gesamt	446	194	43,5 (39,0–48,1)
Halshaut gesamt	130	100	76,9 (68,9–83,4)
Einzelhandel			
Frisches Fleisch (ohne Haut)	428	202	47,2 (42,5–51,9)
Mastputen			
Schlachthof			
Blinddarminhalt gesamt	502	370	73,7 (69,7–77,4)
Blinddarminhalt (männliche Tiere)	329	251	76,3 (71,4–80,6)
Blinddarminhalt (weibliche Tiere)	161	110	68,3 (60,8–75,0)
Blinddarminhalt (ohne Angabe Geschlecht)	12	9	75,0 (46,1–91,7)
Einzelhandel			
Frisches Fleisch (ohne Haut)	466	74	15,9 (12,8–19,5)

Tab. 4.2.2: Quantitative Bestimmung von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof

Matrix	Anzahl Proben (N) mit quantitativer Bestimmung	Anzahl und Anteil (in %) Proben oberhalb von 10 KbE/g	KbE/g der positiven Proben		
			Minimum	Median	Maximum
Halshaut	274	132 (48,2)	5	1050	$3{,}2 \times 10^5$

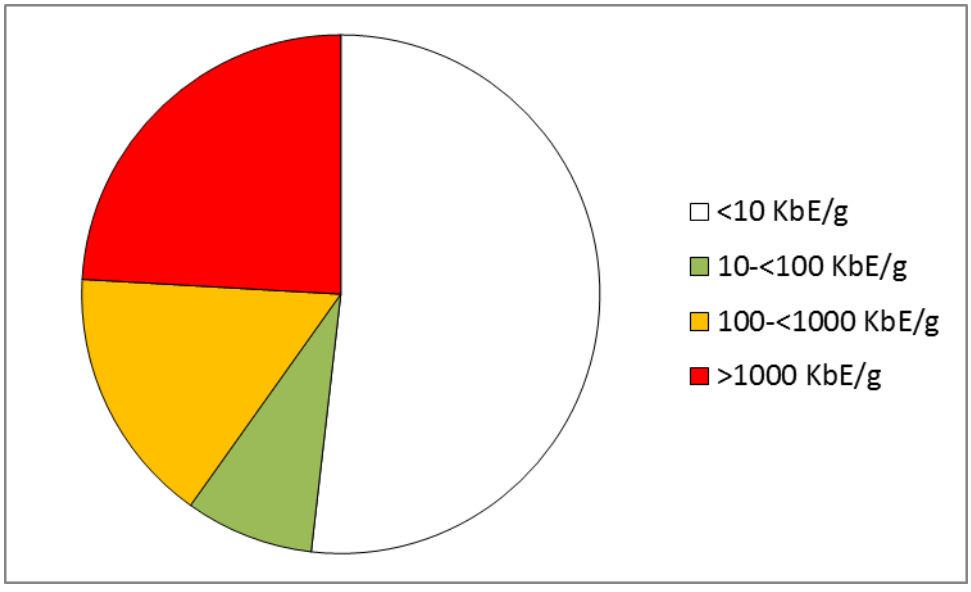

Abb. 4.2.2 Verteilung der Keimzahlen (KbE/g) von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof (N=274)

Tab. 4.2.3 Ergebnis der Speziesbestimmung der *Campylobacter*-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2016

	C. jejuni		*C. coli*		
Masthähnchen	N	%	N	%	Gesamt
Blinddarminhalt, Schlachthof	166	81,4	38	18,6	204
Halshaut, Schlachthof	111	78,7	30	21,3	141
Fleisch, Einzelhandel	135	81,8	30	18,2	165
Masthähnchen, gesamt	412	80,8	98	19,2	510
Mastputen					
Blinddarminhalt, Schlachthof	201	54,3	169	45,7	370
Fleisch, Einzelhandel	46	88,5	6	11,5	52
Mastputen, gesamt	247	58,5	175	41,5	422

4.2.3 Mitteilungen der Länder über *Campylobacter*-Nachweise bei der Lebensmittelüberwachung in Deutschland

Campylobacter wird am häufigsten bei Geflügelfleisch und Produkten hieraus nachgewiesen, dagegen deutlich seltener in Lebensmitteln anderer Herkunft. Die Nachweisrate bei Planproben von Geflügelfleisch lag mit 39,1 % leicht unter dem Niveau des Vorjahres (2015: 43,7 %; Tab. 4.2.3). Die Nachweisrate bei Fleisch von Masthähnchen lag mit 50,6 % der Proben deutlich über dem Vorjahreswert (2015: 39,4 %; Abb. 4.2.3). In Fleisch von Puten wurde *Campylobacter* mit 16,4 % positiven Proben seltener nachgewiesen (2015: 19,7 %). Die höchste Belastung wies Entenfleisch mit 75,8 % positiven Proben auf, also mehr als im Vorjahr (2015: 69,7 %). Bei Fleisch von Gänsen lag die Nachweisrate mit 55,0 % ebenfalls höher als 2015 (46,2 %).

Fleischerzeugnisse mit Geflügelfleisch wiesen einen deutlichen Rückgang der *Campylobacter*-Nachweisrate auf (4,2 % vs. 22,3 % im Jahr 2015). Küchenmäßig vorbereitetes rohes Geflügelfleisch wies in 29,7 % der Proben gegenüber dem Vorjahr etwas häufiger *Campylobacter* spp. auf (2015: 23,3 %), bei Zubereitungen aus Masthähnchenfleisch lag der Anteil bei 32,5 % (2015: 32,7 %). Bei Konsumeiern wurde in 10,6 % der Untersuchungen *Campylobacter* spp. nachgewiesen (2015: 8,1 %), wobei *C. jejuni* (vier Proben) und *C. coli* (neun Proben) isoliert wurden.

Bei Schweinefleisch wurde *Campylobacter* spp. in 6,3 % der untersuchten Proben gefunden (2015: 2,6 %). In Hackfleisch zeigten 15,9 % der Proben *Campylobacter*-Nachweise (2015: 13,0 %). Aus diesen Proben waren *C. jejuni* und *C. coli* isoliert worden. Hackfleischzubereitungen wiesen mit 2,7 % der Proben seltener *Campylobacter*-Nachweise auf als im Vorjahr (2015: 4,1 %).

Campylobacter spp. wurde auch in Milch und Milcherzeugnissen nachgewiesen. Nachweise gelangen in Rohmilch ab Hof (6,7 %, *C. jejuni*), Sammelmilch (2,3 %, *C. jejuni*), Rohmilch anderer Tierarten (5,9 %, *C. coli*) und aus unspezifizierter Milch (2,4 %; *C. jejuni*).

Aus den *Campylobacter*-positiven Lebensmitteln wurden hauptsächlich *C. jejuni* und *C. coli* isoliert. Bei Fleisch von Masthähnchen machte *C. jejuni* mehr als zwei Drittel der Isolate aus. Von Putenfleisch wurde nur *C. coli* berichtet. Aus Schweinefleisch wurde je einmal *C. coli* und *C. jejuni* isoliert. Bei Rindfleisch wurde *Campylobacter* nicht nachgewiesen. Bei Fleischerzeugnissen mit Geflügelfleisch bzw. küchenmäßig vorbereiteten Produkten wurde überwiegend *C. jejuni* neben *C. coli* gefunden (Abb. 4.2.4).

In Abb. 4.2.5 sind die Ergebnisse der einzelnen Länder dargestellt. Die Abbildung verdeutlicht auch, dass *C. jejuni* in einigen Ländern in hohen Nachweisraten ermittelt wurde.

In Anlassproben (Tab. 4.2.5) wurde *Campylobacter* in 15,0 % der Proben von Masthähnchenfleisch nachgewiesen und damit seltener als im letzten Jahr (2015: 64,9 %) und in Planproben. Auch bei den Untersuchungen von küchenmäßig vorbereitetem Hähnchenfleisch wurde im Rahmen von Anlassproben *Campylobacter* isoliert (22,2 %; 2015: 18,2 %).

4.2.4 Beziehungen zwischen der Exposition des Menschen zu *Campylobacter* spp. über Lebensmittel und dem Vorkommen von Infektionen beim Menschen in Deutschland (Expositions-Trendanalyse)

Im Folgenden wird der Zusammenhang zwischen der Entwicklung der geschätzten Exposition mit thermophilen *Campylobacter* über Lebensmittel und den gemeldeten Erkrankungszahlen des Menschen betrachtet. Die Exposition wurde als Produkt der Ergebnisse der Untersuchungen von Planproben im Rahmen der Überwachung und von Verzehrszahlen aus dem Statistischen Jahrbuch für Ernährung, Landwirtschaft und Forsten (BMEL, 2017) berechnet. Die Erkrankungszahlen wurden den Infektionsepidemiologischen Jahrbüchern des RKI entnommen (RKI, 2017).

Es zeigte sich eine positive Korrelation zwischen der Exposition der Menschen über Geflügelfleisch und der Erkrankungshäufigkeit (Korrelationskoeffizient: 0,55) für den Zeitraum 2003–2016. Dies bestätigt die Ergebnisse der Schätzungen in den vergangenen Jahren und bekräftigt die beschriebene hohe Bedeutung von Geflügel, insbesondere von Masthähnchen, als Quelle von *Campylobacter* spp. für den Menschen (Hartung et al., 2018). Für die Exposition über Schweine- und Rindfleisch konnte dagegen kein Zusammenhang zur Zahl der gemeldeten Campylobacteriose-Fälle aufgezeigt werden (Abb. 4.2.6).

In Abb. 4.2.7 ist die wöchentliche Verteilung der als Einzeldaten mitgeteilten Ergebnisse von sieben Ländern dargestellt. Die Werte von Fleisch von Masthähnchen wurden mit der wöchentlichen Verteilung menschlicher *Camplyobacter*-Infektionen (als Inzidenz) verglichen. Mit einem Korrelationskoeffizienten von 0,58 für Geflügelfleisch ergibt sich ein Wert, der den Vergleich mit den Vorjahreswerten übertrifft. Bei getrennter Betrachtung für *C. jejuni* ergab sich ein Korrelationskoeffizient von 0,47 (Abb. 4.2.8).

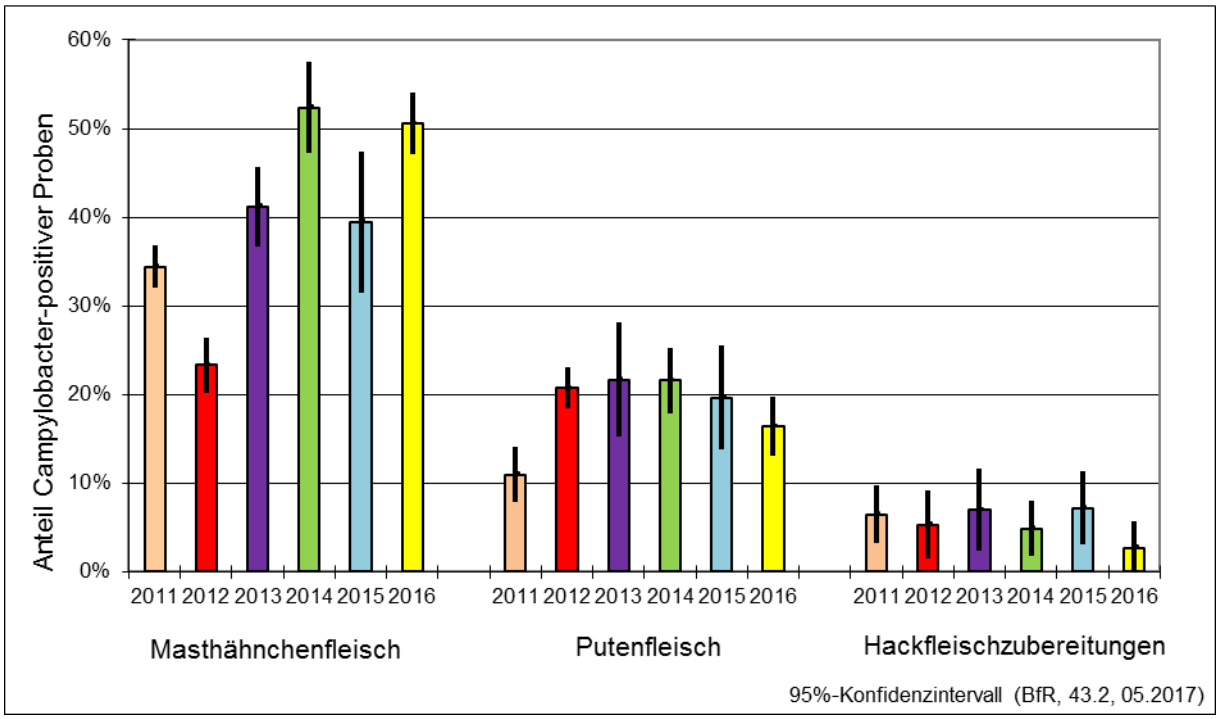

Abb. 4.2.3: *Campylobacter* spp. in ausgewählten Lebensmittel-Planproben 2013–2016

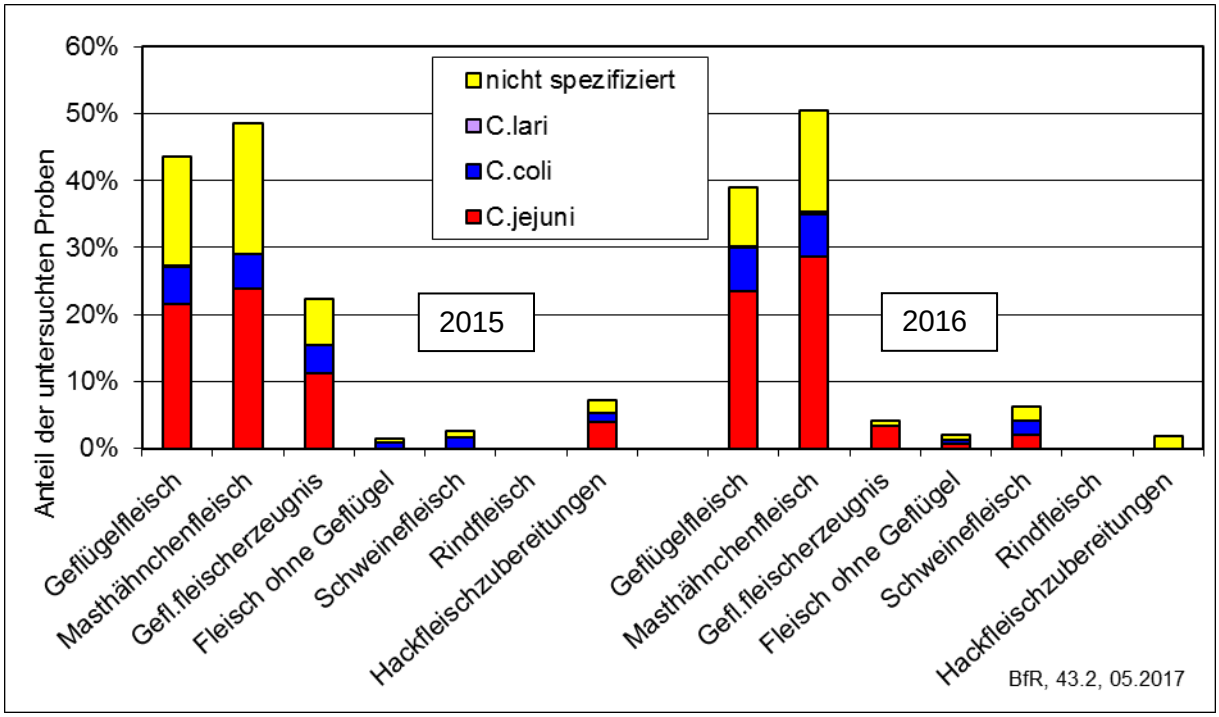

Abb. 4.2.4: *Campylobacter*-Spezies in ausgewählten Lebensmittel-Planproben 2016 im Vergleich zu 2015

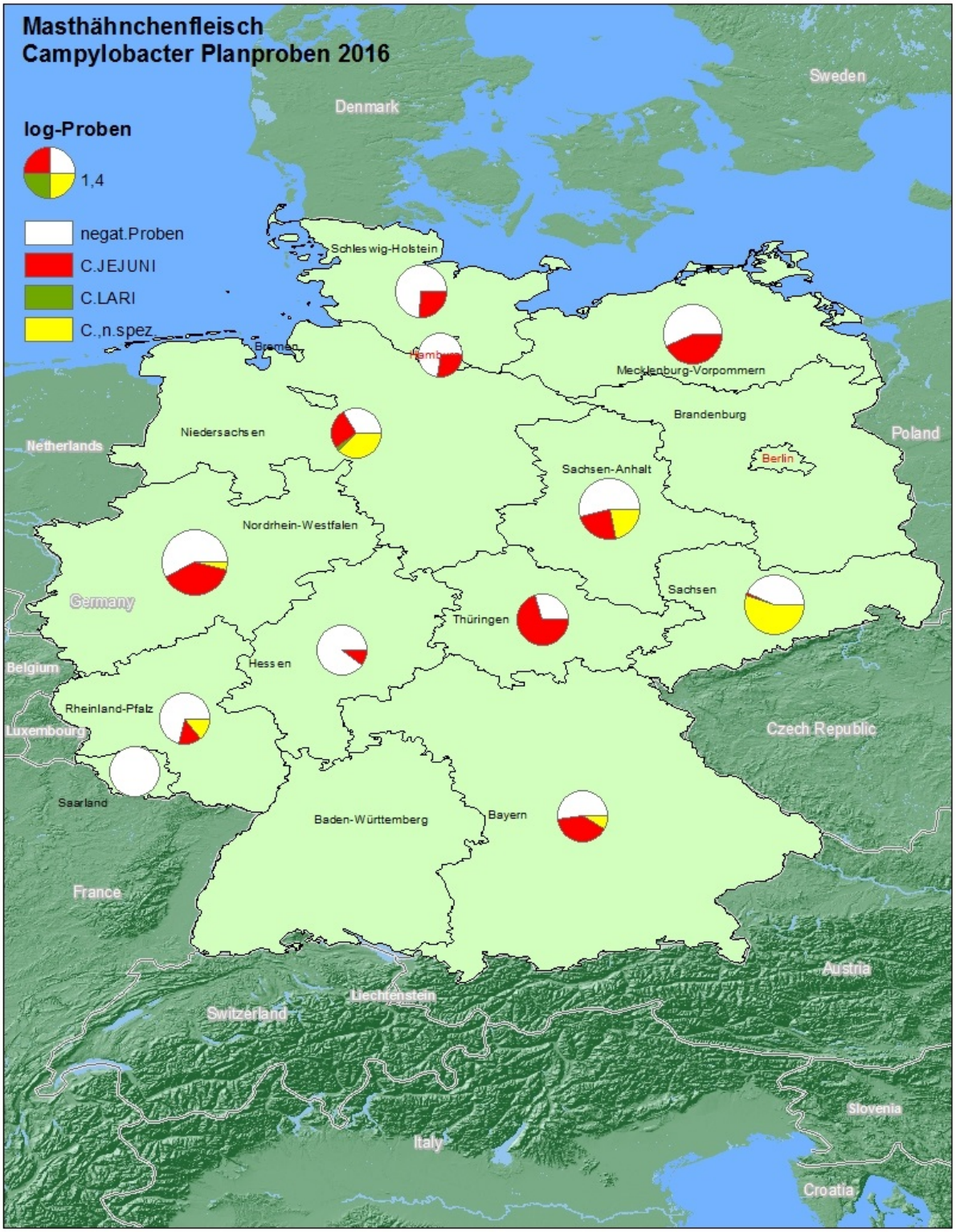

Abb. 4.2.5: Übersicht über die Ergebnisse der *Campylobacter*-Untersuchungen bei Masthähnchenfleisch 2016

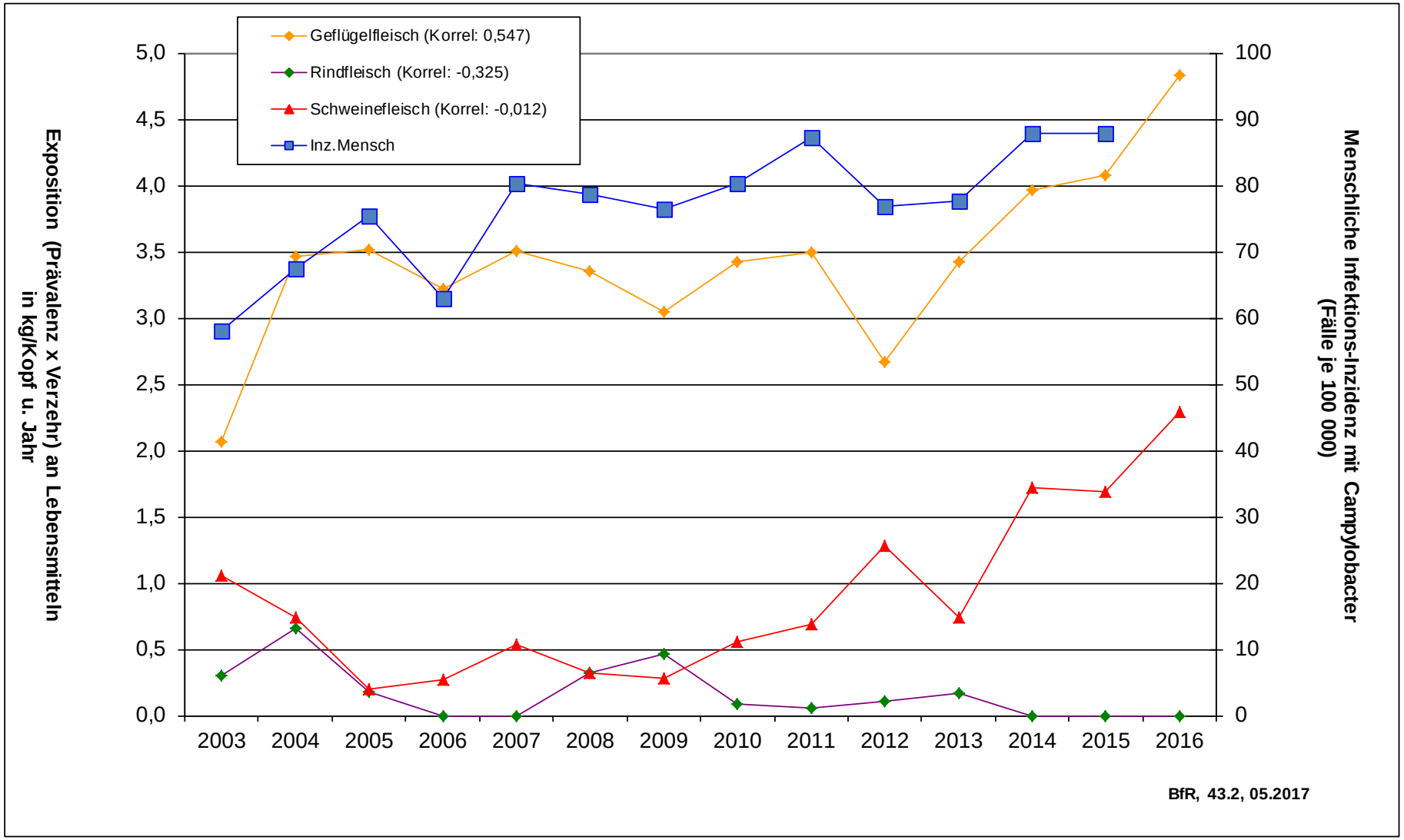

Abb. 4.2.6: Expositions-Trendanalyse: Korrelation menschlicher Infektionen mit *Campylobacter* mit der Exposition gegenüber kontaminierten Lebensmitteln (*Campylobacter*-Nachweisrate in Planproben 2003–2016; Quellen: BfR, RKI, BLE; vgl. Text)

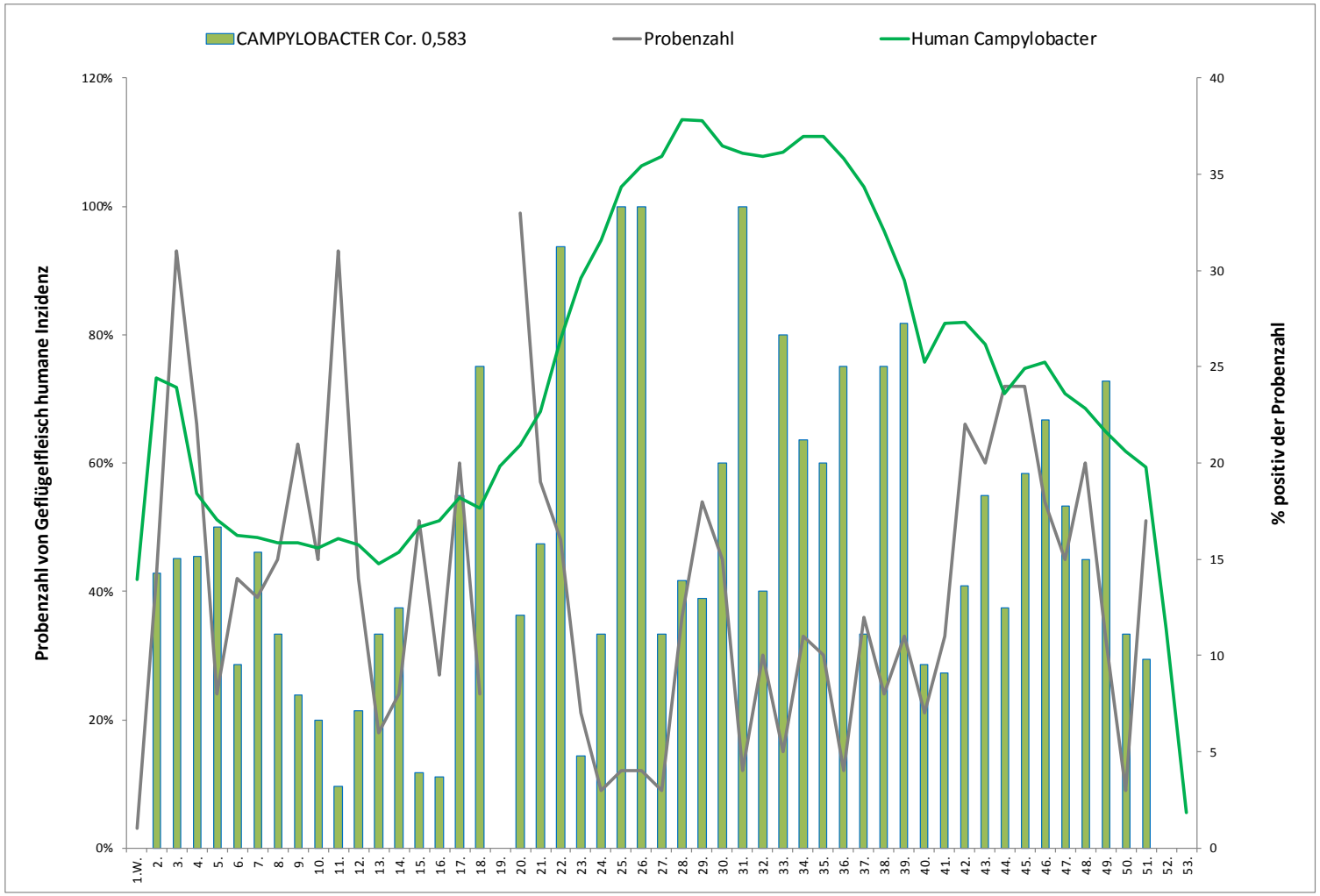

Abb. 4.2.8: *Campylobacter* in Planproben vom Geflügelfleisch im Vergleich zu wöchentlichen humanen *Campylobacter jejuni*-Fällen 2016

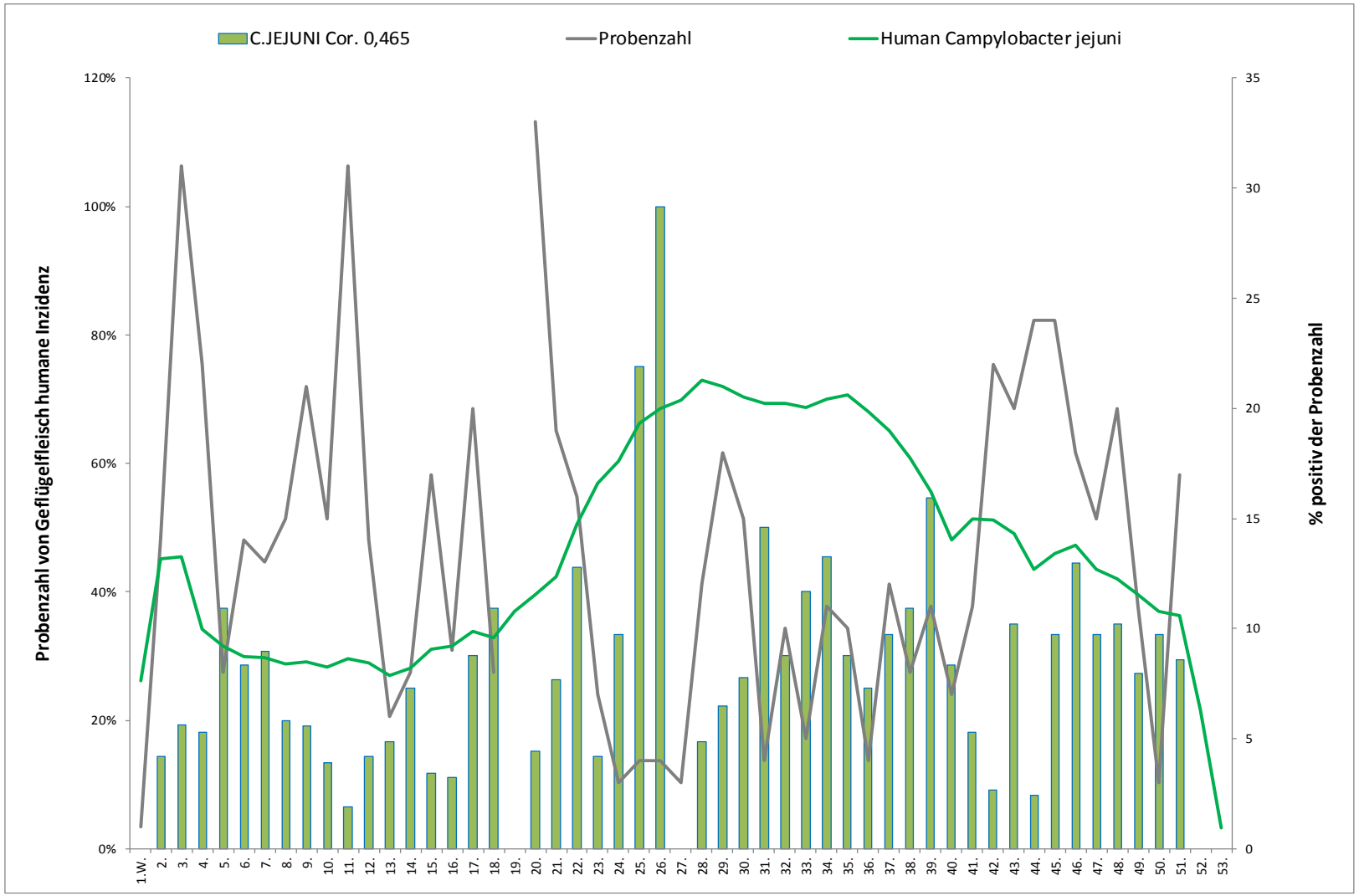

Abb. 4.2.9: *Campylobacter jejuni* in Planproben vom Geflügelfleisch im Vergleich zu wöchentlichen humanen Fällen 2016

4.2.5 Mitteilungen der Länder über *Campylobacter*-Nachweise bei Tieren in Deutschland

Die Untersuchung von Tieren außerhalb des Zoonosen-Monitorings erfolgt in der Regel nicht mittels Planproben, sondern oft anlassbezogen.

Untersuchungen von **Legehennen** wurden 2016 von fünf Ländern mitgeteilt (Tab. 4.2.6). Bei 47 % der untersuchten Einzeltiere konnten thermophile *Campylobacter* nachgewiesen werden (2015: 35 %). Bei 46 % der untersuchten **Masthähnchen** wurde ein positiver *Campylobacter*-Nachweis geführt (2015: 36 %). Dabei wurde *C. jejuni* in 36 % und *C. coli* in 6,5 % der Proben gefunden.

Neun Länder berichteten Untersuchungen von **Rinder**herden auf *Campylobacter*. Bei 8,2 % der Herden (2016: 6,6 %) und 5,2 % der Tiere (2015: 6,7 %) wurde *Campylobacter* nachgewiesen. In Rinderherden und bei den Einzeltieruntersuchungen wurden hauptsächlich *C. jejuni* festgestellt. Daneben wurden auch *C. coli, C. fetus* und *C. lari* nachgewiesen. Drei Länder berichteten die Untersuchung von Planproben von Rindern. Diese machten 26 % der gesamten Untersuchungen aus und verliefen alle negativ.

Bei 29,3 % der untersuchten **Schweine**herden (2015: 49,0 %) und 11,2 % der Einzeltiere (2015: 27,4 %) wurde ein *Campylobacter*-Nachweis mitgeteilt. Somit hat sich der ansteigende Trend des letzten Jahres nicht erneut bestätigt. Bei Schweinen wurde mehrheitlich *C. coli* nachgewiesen.

Für 4,2 % der untersuchten **Schaf**herden (2015: 3,3 %) und 2,9 % der Einzeltiere (2015: 6,8 %) wurden *Campylobacter*-Nachweise mitgeteilt. *Campylobacter*-Nachweise wurden für 4,0 % der untersuchten **Ziegen** mitgeteilt (2015: 3,2 %). Bei **Pferden** wurde *Campylobacter jejuni* in einem Einzeltier festgestellt (0,16 %), in Herdenuntersuchungen dagegen nicht.
Bei 10,6 % der untersuchten **Hunde** wurde *Campylobacter* spp. nachgewiesen (2014: 11,5 %). Hierbei handelte es sich hauptsächlich um *C. jejuni* und *C. upsaliensis,* aber auch um *C. coli.*

Katzen wiesen mit 6,1 % gegenüber dem Vorjahr eine verminderte Belastung mit *Campylobacter* auf (2014: 7,2 %). Hierunter befanden sich *C. jejuni, C. upsaliensis* und *C. coli*.

4.2.6 Übergreifende Betrachtung

Infektionen mit *Campylobacter* spp. stellten 2016 die häufigsten bakteriellen Darmerkrankung über Lebensmittelinfektionen in Deutschland dar (RKI, 2017). Dabei überwog *C. jejuni* als Erreger (72 % der auf Speziesebene identifizierten Infektionen) gegenüber *C. coli* (10 %). Daneben wurden selten auch *C. lari* sowie *C. upsaliensis* für 2016 bei menschlichen Infektionen berichtet (RKI, 2017). Als Infektionsquellen wird vorrangig Geflügelfleisch, insbesondere Masthuhnfleisch, angesehen. Daneben werden aber auch Rinder als Quelle von *Campylobacter* spp. beschrieben (Mughini Gras et al., 2012).

Die Ergebnisse der Untersuchungen von Lebensmitteln und Tieren im Rahmen der amtlichen Überwachung sowie des Zoonosen-Monitorings bestätigen erneut die hohe Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Geflügelfleisch. Die Untersuchungen an Hähnchenschlachtkörpern im Rahmen des Zoonosen-Monitorings zeigen, dass diese deutlich häufiger positiv für *Campylobacter* sind als die Blinddarmproben der entsprechenden Schlachtchargen, was auf eine erhebliche Kreuzkontamination im Schlachtprozess hindeutet.

Bei den *Campylobacter*-Nachweisen dominierte wie in den vergangenen Jahren im Hähnchenfleisch die Spezies *C. jejuni,* während im Putenfleisch auch *C. coli* relativ häufig ist. Die hohe Bedeutung von Geflügelfleisch als Quelle für die Campylobacteriose des Menschen

wird auch in diesem Jahr durch die Korrelation zwischen der Exposition gegenüber *Campylobacter*-positivem Geflügelfleisch und den humanen Campylobacteriose-Fällen bestätigt. Die quantitativen Untersuchungen von Hähnchenschlachtkörpern im Zoonosen-Monitoring deuten auf erhebliche Unterschiede zwischen Schlachtchargen hin. Der Anteil von Proben mit einer Belastung von mehr als 10^3 KbE/g lag im Zoonosen-Monitoring bei 24 %. Dieser Wert lag innerhalb des derzeit geltenden Zielwertes für das Prozesshygienekriterium für *Campylobacter* spp. auf Hähnchenschlachtkörpern gemäß VO (EU) Nr. 2017/1495[1] < 40 %, der aber in den nächsten Jahren auf 30 % (ab 01.01.2020) bzw. 20 % (ab 01.01.2025) gesenkt werden wird.

Im Gegensatz zum Geflügelfleisch wiesen Lebensmittel vom Rind und Schwein geringe Nachweisraten von *Campylobacter* spp. auf, obwohl Untersuchungen von Tieren zeigen, dass *Campylobacter* spp. auch bei Rind und Schwein weit verbreitet ist. Es zeigt sich aber auch, dass Verbraucher über Schweinefleisch gegenüber *Campylobacter* spp. ebenfalls exponiert sind, wenn auch deutlich seltener. Da Schweinefleisch, insbesondere als Hackfleisch, auch roh verzehrt wird, kommt es damit durchaus auch als Quelle für Campylobacteriose-Erkrankungen in Betracht (Siffczyk et al. 2017).

Der Nachweis von *C. jejuni* und *C. coli* bei Hunden und Katzen könnte durch die Verfütterung von rohem Geflügel- oder Schweinefleisch bedingt sein. Auch wird bei Hunden und Katzen die Aufnahme von *Campylobacter* aus der Umwelt bezogen auf *C. jejuni und C. upsaliensis* diskutiert. Neben Lebensmitteln kann auch der direkte Kontakt zu Nutztieren, aber auch zu Heimtieren ein Infektionsweg für den Menschen sein.

4.2.7 Literatur

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

Bily, L., J. Petton, F. Lalande et al. (2010): Quantitative and qualitative evaluation of *Campylobacter* spp. contamination of turkey cecal contents and carcasses during and following the slaughtering process. J Food Prot 73 (7), 1212–1218

BMEL (2016): Statistisches Jahrbuch über Ernährung, Landwirtschaft und Forsten der Bundesrepublik Deutschland 2016. Landwirtschaftsverlag GMBH, Münster-Hiltrup, 585 S.

Hamedy, A., T. Alter, D. Schlichting et al. (2007): Belastung von Geflügelkarkassen mit *Campylobacter* spp. Fleischwirtschaft 10, 121–124

Mughini Gras, L., J.H. Smid, J.A. Wagenaar et al. (2012): Risk factors for Campylobacteriosis of chicken, ruminant, and environmental origin: A combined case control and source attribution analysis. PlosOne 7, (8) e42599

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

FLI (2016): Tiergesundheitsjahresbericht 2015. Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems, 167 S. (http://www.fli.bund.de)

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

Siffczyk,C., M. Smuskiewicz, K. Weise, B. Rosner, A. Fruth, R. Prager, W. Rabsch, M. Hausner, C. Friedrich, G. Ellsäßer (2017): The largest *Campylobacter* coli outbreak in Germany, associated with mincemeat consumption, May 2016. National Symposium on Zoonoses Research 2017, Berlin, 12. u. 13. Oktober 2017, Poster

1 Commission Regulation (EU) 2017/1495 amending Regulation (EC) No. 2073/2005 as regards *Campylobacter* in broiler carcases. Official Journal of the European Union L 218/1 vom 24.08.2017

4.2.8 Datentabellen zu den Mitteilungen der Länder über *Campylobacter*-Nachweise

Tab. 4.2.4: Lebensmittel-Planproben 2016 – *CAMPYLOBACTER*[1]

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	Anmerk.
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	
Fleisch ohne Geflügel, gesamt									
8 (12)	BY,HH,NI,	*CAMPYLOBACTER*	153	3	1,96		±2,20	0,00–4,16	1),2),3)
	SN,NW,ST,	C.JEJUNI	..	1	0,65		±1,28	0,00–1,93	
	RP,TH	C.COLI	..	1	0,65		±1,28	0,00–1,93	2)
Rindfleisch									
5 (5)	HH,SN,NW, RP,TH	*CAMPYLOBACTER*	46	0					3)
Schweinefleisch									
6 (6)	HH,NI,SN,	*CAMPYLOBACTER*	48	3	6,25		±6,85	0,00–13,10	1),2),3)
	ST,RP,TH	C.JEJUNI	..	1	2,08		±4,04	0,00–6,12	
		C.COLI	..	1	2,08		±4,04	0,00–6,12	2)
Schaffleisch									
2 (3)	NI,ST	*CAMPYLOBACTER*	18	0					1)
Fleisch v. Wildschwein									
1 (2)	NI	*CAMPYLOBACTER*	14	0					
Wildfleisch, sonst									
3 (3)	BY,NI,SN	*CAMPYLOBACTER*	17	0					
Fleischteilstücke, roh, küchenmäßig vorbereitet									
4 (4)	BY,HH,NI, RP	*CAMPYLOBACTER*	16	0					
aus Schweinefleisch									
3 (3)	BY,HH,NI	*CAMPYLOBACTER*	13	0					
Rohfleisch, zerkleinert (Stücke bis 100 g)									
6 (8)	HE,HH,SH,	*CAMPYLOBACTER*	49	2	4,08		±5,54	0,00–9,62	
	NI,NW,RP	C.JEJUNI	..	1	2,04		±3,96	0,00–6,00	
aus Rindfleisch									
1 (1)	RP	*CAMPYLOBACTER*	10	0					
aus anderem Fleisch ohne Geflügel									
2 (3)	NI,NW	*CAMPYLOBACTER*	8	2	25,00		±30,01	0,00–55,01	
		C.JEJUNI	..	1	12,50		±22,92	0,00–35,42	
Hackfleisch									
7 (8)	HE,HH,NI,	*CAMPYLOBACTER*	44	7	15,91		±10,81	5,10–26,72	1),3)
	NW,ST,RP,	C.JEJUNI	..	3	6,82		±7,45	0,00–14,27	
	TH	C.COLI	..	2	4,55		±6,15	0,00–10,70	
aus Rindfleisch									
4 (4)	HH,NI,NW,	*CAMPYLOBACTER*	22	7	31,82		±19,46	12,35–51,28	
	RP	C.JEJUNI	..	3	13,64		±14,34	0,00–27,98	
		C.COLI	..	2	9,09		±12,01	0,00–21,10	
Hackfleischzubereitungen									
9 (12)	BY,HH,SH,	*CAMPYLOBACTER*	112	3	2,68		±2,99	0,00–5,67	1),3)
	NI,SN,NW, ST,RP,TH	C.JEJUNI	..	1	0,89		±1,74	0,00–2,64	
aus Schweinefleisch									
6 (5)	BY,HH,NI, SH,SN,ST	*CAMPYLOBACTER*	84	0					1)
Hitzebehandelte Fleischerzeugnisse									
4 (4)	BY,NI,NW, TH	*CAMPYLOBACTER*	41	0					3)
Anders stabilisierte Fleischerzeugnisse									
8 (8)	BY,HH,SH,	*CAMPYLOBACTER*	22	3	13,64		±14,34	0,00–27,98	1),3)
	SN,NI,NW,	C.JEJUNI	..	1	4,55		±8,70	0,00–13,25	
	ST,TH	C.COLI	..	1	4,55		±8,70	0,00–13,25	

[1] Vgl. Erläuterungen unter Methoden (cf. methods).

Fortsetzung Tab. 4.2.4: Lebensmittel-Planproben 2016 – *CAMPYLOBACTER*

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	Anmerk.
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	
Geflügelfleisch, gesamt									
12 (18)	HE,BY,HH,	*CAMPYLOBACTER*	1447	565	39,05		±2,51	36,53–41,56	1)–6)
	SH,MV,SN,	C.JEJUNI	..	340	23,50	76,58	±2,18	21,31–25,68	1)–6)
	NI,NW,SL,	C.COLI	..	93	6,43	20,95	±1,26	5,16–7,69	1)–3),5)
	ST,RP,TH	C.,THERMOPHILIC	..	8	0,55	1,80	±0,38	0,17–0,93	
		C.LARI	..	3	0,21	0,68	±0,23	0,00–0,44	
Fleisch v. Masthähnchen									
12 (18)	HE,BY,HH, SH,MV,SN,	*CAMPYLOBACTER*	797	403	50,56		±3,47	47,09–54,04	1)–3), 5),6)
	NI,NW,SL, ST,RP,TH	C.JEJUNI	..	228	28,61	79,17	±3,14	25,47–31,74	1)–3), 5),6)
		C.COLI	..	50	6,27	17,36	±1,68	4,59–7,96	1)–3),5)
		C.,THERMOPHILIC	..	7	0,88	2,43	±0,65	0,23–1,53	
		C.LARI	..	3	0,38	1,04	±0,43	0,00–0,80	
Fleisch v. Hühnern									
3 (3)	NI,NW,ST	*CAMPYLOBACTER*	21	18	85,71		±14,97	70,75–100,00	1)
		C.JEJUNI	..	8	38,10	80,00	±20,77	17,32–58,87	
		C.COLI	..	2	9,52	20,00	±12,56	0,00–22,08	
Fleisch v. Enten									
7 (7)	SH,MV,SN,	*CAMPYLOBACTER*	33	25	75,76		±14,62	61,14–90,38	1),2),3)
	NI,NW,ST,	C.JEJUNI	..	19	57,58	90,48	±16,86	40,71–74,44	1),2),3)
	TH	C.COLI	..	2	6,06	9,52	±8,14	0,00–14,20	
Fleisch v. Gänsen									
6 (6)	BY,SH,SN,	*CAMPYLOBACTER*	20	11	55,00		±21,80	33,20–76,80	1),2)
	NI,NW,ST	C.JEJUNI	..	7	35,00		±20,90	14,10–55,90	2)
Fleisch v. Truthühnern/Puten									
11 (16)	HE,BY,HH,	*CAMPYLOBACTER*	470	77	16,38		±3,35	13,04–19,73	1),3),4)
	SH,MV,SN,	C.JEJUNI	..	47	10,00	74,6	±2,71	7,29–12,71	3),4)
	NI,NW,ST,	C.COLI	..	15	3,19	23,81	±1,59	1,60–4,78	
	RP,TH	C.,THERMOPHILIC	..	1	0,21	1,59	±0,42	0,00–0,63	
Fleischerzeugnisse mit Geflügelfleisch									
11 (13)	HE,HH,SH,	*CAMPYLOBACTER*	119	5	4,20		±3,60	0,60–7,81	1),3)
	NI,BY,MV, SN,NW,ST, RP,TH	C.JEJUNI	..	4	3,36		±3,24	0,12–6,60	
v. Masthähnchen									
4 (4)	BY,MV,SN, TH	*CAMPYLOBACTER*	32	0					3)
v. Truthühnern/Puten									
4 (4)	NI,MV,SN, TH	*CAMPYLOBACTER*	12	1	8,33		±15,64	0,00–23,97	3)
Geflügelfleisch, roh, küchenmäßig vorbereitet									
11 (13)	NW,BY,HH,	*CAMPYLOBACTER*	226	67	29,65		±5,95	23,69–35,60	1),2),3)
	SH,NI,BW,	C.JEJUNI	..	31	13,72	64,58	±4,49	9,23–18,20	2),3)
	SN,ST,RP, BE,TH	C.COLI	..	17	7,52	35,42	±3,44	4,08–10,96	1),3)
v. Masthähnchen									
7 (6)	BY,HH,SH,	*CAMPYLOBACTER*	80	26	32,50		±10,26	22,24–42,76	3)
	NI,BW,SN,	C.JEJUNI	..	12	15,00	54,55	±7,82	7,18–22,82	
	TH	C.COLI	..	10	12,50	45,45	±7,25	5,25–19,75	3)
v. Truthühnern/Puten									
7 (6)	BY,HH,SH,	*CAMPYLOBACTER*	38	7	18,42		±12,33	6,10–30,75	3)
	NI,BW,SN,	C.COLI	..	3	7,89		±8,57	0,00–16,47	
	TH	C.JEJUNI	..	2	5,26		±7,10	0,00–12,36	3)

Fortsetzung Tab. 4.2.4: Lebensmittel-Planproben 2016 – *CAMPYLOBACTER*

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	Anmerk.
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	
Fische, Meerestiere und Erzeugnisse, gesamt									
5 (6)	HE,BY,HH,	*CAMPYLOBACTER*	82	13	15,85		±7,91	7,95–23,76	1)
	SN,ST	C.LARI	..	10	12,20	76,92	±7,08	5,11–19,28	
		C.COLI	..	2	2,44	15,38	±3,34	0,00–5,78	
		C.JEJUNI	..	1	1,22	7,69	±2,38	0,00–3,60	
Konsumeier v. Huhn, gesamt									
3 (3)	BY,ST,TH	*CAMPYLOBACTER*	218	23	10,55		±4,08	6,47–14,63	1),2),7)
		C.COLI	..	9	4,13	69,23	±2,64	1,49–6,77	2),7)
		C.JEJUNI	..	4	1,83	30,77	±1,78	0,05–3,62	2),7)
Vorzugsmilch									
6 (6)	HE,SH,MV, NI,NW,TH	*CAMPYLOBACTER*	34	0					3)
Rohmilch ab Hof									
4 (4)	HE,BY,MV,	*CAMPYLOBACTER*	60	4	6,67		±6,31	0,35–12,98	
	SN	C.JEJUNI	..	4	6,67		±6,31	0,35–12,98	
Sammelmilch (Rohmilch)									
3 (3)	HE,SH,MV	*CAMPYLOBACTER*	43	1	2,33		±4,50	0,00–6,83	
		C.JEJUNI	..	1	2,33		±4,50	0,00–6,83	
Rohmilch-Käse, andere									
3 (3)	SH,MV,TH	*CAMPYLOBACTER*	28	0					3)
Käse, andere									
5 (5)	HE,BY,SH, MV,SN	*CAMPYLOBACTER*	29	0					
Rohmilch anderer Tierarten									
6 (7)	BY,SH,MV,	*CAMPYLOBACTER*	34	2	5,88		±7,91	0,00–13,79	1)
	NI,NW,ST	C.COLI	..	2	5,88		±7,91	0,00–13,79	
Käse u. -zubereitungen aus Rohmilch anderer Tierarten									
1 (1)	TH	*CAMPYLOBACTER*	14	0					3)
Milch, unspezifiziert									
5 (9)	NI,NW,SL,	*CAMPYLOBACTER*	292	7	2,40		±1,75	0,64–4,15	1)
	ST,RP	C.JEJUNI	..	6	2,05		±1,63	0,43–3,68	
		C.,THERMOPHILIC	..	1	0,34		±0,67	0,00–1,01	
Fertiggerichte									
2 (3)	NI,RP	*CAMPYLOBACTER*	13	0					
Lebensmittel, sonst									
4 (6)	HE,BY,SH, NI	*CAMPYLOBACTER*	169	0					
Tupferproben in Lebensmittel-Betrieben									
1 (1)	NW	*CAMPYLOBACTER*	11	0					

Anmerkungen

1) ST,TH: Probenvorbereitung g
2) ST: spezielle Probenvorb
3) TH: Anr./VIDAS
4) BY: 1 Mehrfachisolierung: *C. jejuni* und *C. coli*
5) BY: 2 Mehrfachisolierungen: *C. jejuni* und *C. coli*
6) TH: Anr./VIDAS
7) BY: Pool à 10 Eier, 9 x 10

Tab. 4.2.5: Lebensmittel-Anlassproben 2016 – *CAMPYLOBACTER*

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	An-
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	merk.
Fleisch ohne Geflügel, gesamt									
7 (8)	BY,SH,SN,	*CAMPYLOBACTER*	19	6	31,58		±20,90	10,68–52,48	1)
	NI,NW,RP, TH	C.COLI	..	3	15,79		±16,40	0,00–32,19	
Schweinefleisch									
6 (6)	BY,SN,NI,	*CAMPYLOBACTER*	12	6	50,00		±28,29	21,71–78,29	1)
	NW,RP,TH	C.COLI	..	3	25,00		±24,50	0,50–49,50	
Hackfleischzubereitungen									
7 (9)	BY,SH,NI,	*CAMPYLOBACTER*	36	2	5,56		±7,48	0,00–13,04	
	NW,RP,SL, BE	C.COLI	..	1	2,78		±5,37	0,00–8,15	
Hitzebehandelte Fleischerzeugnisse									
8 (13)	BY,HH,SH, SN,NW,SL, RP,TH	*CAMPYLOBACTER*	31	0					1)
aus Schweinefleisch									
5 (5)	BY,HH,SH, SN,TH	*CAMPYLOBACTER*	14	0					1)
Anders stabilisierte Fleischerzeugnisse									
4 (6)	BY,NW,SL, RP	*CAMPYLOBACTER*	13	0					
Geflügelfleisch, gesamt									
10 (14)	BY,SH,MV,	*CAMPYLOBACTER*	58	9	15,52		±9,32	6,20–24,84	2)
	SN,NI,NW,	C.JEJUNI	..	6	10,34		±7,84	2,51–18,18	2)
	SL,ST,RP, BE	C.COLI	..	2	3,45		±4,70	0,00–8,14	
Fleisch v. Masthähnchen									
9 (12)	BE,BY,MV,	*CAMPYLOBACTER*	40	6	15,00		±11,07	3,93–26,07	
	NI,NW,RP,	C.JEJUNI	..	4	10,00		±9,30	0,70–19,30	
	SH,SL,SN	C.COLI	..	2	5,00		±6,75	0,00–11,75	
Fleisch v. Enten									
2 (2)	SN,ST	*CAMPYLOBACTER*	3	2	66,67		±53,34	13,32–100,00	2)
		C.JEJUNI	..	1	33,33		±53,34	0,00–86,68	2)
Fleisch v. Truthühnern/Puten									
4 (4)	BY,NI,RP, BE	*CAMPYLOBACTER*	13	0					
Fleisch v. sonstigem Hausgeflügel									
1 (1)	BY	*CAMPYLOBACTER*	1	1	100		±0,00		
		C.JEJUNI	..	1	100		±0,00		
Fleischerzeugnisse mit Geflügelfleisch									
9 (12)	NW,BY,HH, SH,SN,NI, ST,RP,TH	*CAMPYLOBACTER*	29	0					1),2)
Geflügelfleisch, roh, küchenmäßig vorbereitet									
9 (11)	BY,SH,SN,	*CAMPYLOBACTER*	36	8	22,22		±13,58	8,64–35,80	1),2)
	NI,NW,ST, RP,BE,TH	C.JEJUNI	..	4	11,11		±10,27	0,84–21,38	
v. Masthähnchen									
3 (3)	SH,SN,TH	*CAMPYLOBACTER*	4	1	25,00		±42,44	0,00–67,44	1)
Fische, Meerestiere und Erzeugnisse, gesamt									
5 (8)	BY,SH,SN, NW,RP	*CAMPYLOBACTER*	13	0					

Fortsetzung Tab. 4.2.5: Lebensmittel-Anlassproben 2016 – CAMPYLOBACTER

Quelle *)	Länder	Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abweichung	Konfidenzintervall (%)	Anmerk.
Sammelmilch (Rohmilch)									
1 (1)	SH	*CAMPYLOBACTER*	6	1	16,67		±29,82	0,00–46,49	
		C.JEJUNI	..	1	16,67		±29,82	0,00–46,49	
Käse, andere									
5 (6)	BY,HH,SH, NW,RP	*CAMPYLOBACTER*	14	0					
Milchprodukte, andere									
2 (3)	BY,HH	*CAMPYLOBACTER*	10	0					
Milch, unspezifiziert									
3 (4)	NI,NW,RP	*CAMPYLOBACTER*	18	4	22,22		±19,21	3,02–41,43	
		C.JEJUNI	..	3	16,67		±17,22	0,00–33,88	
Fertiggerichte									
4 (7)	NI,NW,ST, RP	*CAMPYLOBACTER*	57	0					2)
Lebensmittel, sonst									
7 (11)	BY,HH,SH, MV,NW,RP, TH	*CAMPYLOBACTER*	44	0					1)
Tupferproben in Lebensmittel-Betrieben									
3 (3)	BY,NW,TH	*CAMPYLOBACTER*	13	0					1)

Anmerkungen

1) TH: Anr./VIDAS

2) ST: Probenvorbereitung g

Tab. 4.2.6 a): Tiere 2016 – *CAMPYLOBACTER* (Herden)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
*)	Länder						
Legehennen							
3 (3)	ST,TH,BY	*CAMPYLOBACTER*	69	35	50,72		1),2)
		C.JEJUNI	..	30	43,48	85,71	1)
		C.,THERMOPHILIC	..	3	4,35	8,57	1)
		C.COLI	..	2	2,90	5,71	1)
Eintagsküken							
1 (1)	ST	*CAMPYLOBACTER*	4	1	25,00		
		C.JEJUNI	..	1	25,00		
Aufzucht							
1 (1)	ST	*CAMPYLOBACTER*	3	1	33,33		
		C.COLI	..	1	33,33		
Legephase							
1 (1)	ST	*CAMPYLOBACTER*	3	1	33,33		
		C.JEJUNI	..	1	33,33		
Masthähnchen							
4 (4)	MV,NW,ST,TH	*CAMPYLOBACTER*	61	29	47,54		3),4)
		C.JEJUNI	..	4	6,56		4)
		C.COLI	..	3	4,92		4)
		C.,THERMOPHILIC	..	2	3,28		4)
Aufzucht							
1 (1)	ST	*CAMPYLOBACTER*	5	2	40,00		
		C.JEJUNI	..	1	20,00		
		C.COLI	..	1	20,00		
Puten/Truthühner							
4 (4)	SH,ST,BW,BY	*CAMPYLOBACTER*	66	38	57,58		3),5),6)
		C.JEJUNI	..	25	37,88	60,98	3),6)
		C.COLI	..	16	24,24	39,02	3),5),6)
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Puten/Truthühner – Mast							
4 (4)	ST,TH,BW,SH	*CAMPYLOBACTER*	15	7	46,67		3),4),5)
		C.JEJUNI	..	6	40,00	54,55	4)
		C.COLI	..	4	26,67	36,36	4),5)
		C.,THERMOPHILIC	..	1	6,67	9,09	4)
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Rinder, gesamt							
9 (9)	BW,RP,ST,TH,	*CAMPYLOBACTER*	748	61	8,16		2),7)–13)
	BY,HE,MV,NI,	C.JEJUNI	..	51	6,82	82,26	2)
	NW	C.FETUS	..	5	0,67	8,06	
		C.COLI	..	4	0,53	6,45	
		C.SPUTORUM	..	2	0,27	3,23	13)
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Kälber							
6 (6)	NI,RP,ST,TH,	*CAMPYLOBACTER*	254	38	14,96		13),14)
	MV,NW	C.JEJUNI	..	30	11,81	78,95	
		C.FETUS	..	3	1,18	7,89	
		C.COLI	..	1	0,39	2,63	
		C.SPUTORUM	..	1	0,39	2,63	13),14)
		C., sp.	..	3	1,18	7,89	
Milchrinder							
4 (4)	ST,TH,MV,NW	*CAMPYLOBACTER*	112	3	2,68		13),15)
		C.JEJUNI	..	2	1,79		
		C.COLI	..	1	0,89		

Fortsetzung Tab. 4.2.6 a): Tiere 2016 – CAMPYLOBACTER (Herden)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
*)	Länder						
Schweine							
5 (5)	ST,TH,HE,MV,	*CAMPYLOBACTER*	147	43	29,25		
	NW	C.COLI	..	42	28,57	97,67	
		C.JEJUNI	..	1	0,68	2,33	
Schafe							
8 (8)	BW,NI,RP,ST,	*CAMPYLOBACTER*	188	8	4,26		2),13),15)
	TH,BY,MV,NW	C.JEJUNI	..	6	3,19		
		C.COLI	..	2	1,06		
		C.FETUS	..	1	0,53		
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Ziegen							
		C.JEJUNI	15	4	26,67		
9 (9)	BW,NI,RP,ST,	*CAMPYLOBACTER*	54	2	13,33		13),15)
	TH,BY,HE,MV, NW	C.COLI	..	2	13,33		
Pferde							
3 (3)	ST,TH,MV	*CAMPYLOBACTER*	210	0			15)

Anmerkungen

1) TH: alle Hühner außer Masthähnchen
2) BY: Krankheitsursache
3) NW,BW,BY: AVV-Zoonosen-Stichprobenplan
4) TH: AVV-Zoonosen
5) SH: ZSP 2016 SH 7
6) BY: Eine Probe war positiv für *C. coli* und *C. jejuni*
7) TH: Besamungsbullen und Aborte
8) BY: Einstellungsuntersuchungen
9) BY: zuchthygienische Untersuchung
10) BY: Todesursache
11) BY: Seuchenermittlung
12) NI: Untersuchung auf *Campylobacter fetus venerealis*
13) NW: Abortdiagnostik
14) NW: venerische *Campylobacter*
15) TH: Aborte

Tab. 4.2.6 b): Tiere 2016 – CAMPYLOBACTER (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere	Pos.	%	%r	Anmerkungen
*)	Länder		untersucht				
Hühner, n. spez.							
1 (1)	SN	*CAMPYLOBACTER*	31	5	16,13		
		C.JEJUNI	..	1	3,23		
		C.COLI	..	1	3,23		
Legehennen							
5 (5)	BY,HH,ST,TH,	*CAMPYLOBACTER*	133	62	46,62		1)
	BB	C.JEJUNI	..	53	39,85	89,83	1)
		C.COLI	..	6	4,51	10,17	1)
Eintagsküken							
1 (1)	ST	*CAMPYLOBACTER*	7	1	14,29		
		C.JEJUNI	..	1	14,29		
Aufzucht							
1 (1)	ST	*CAMPYLOBACTER*	3	1	33,33		
		C.COLI	..	1	33,33		
Legephase							
1 (1)	ST	*CAMPYLOBACTER*	3	1	33,33		
		C.JEJUNI	..	1	33,33		
Masthähnchen							
6 (6)	BB,BY,MV,SN,	*CAMPYLOBACTER*	508	234	46,06		2)–8)
	ST,TH	C.JEJUNI	..	177	34,84	79,73	2)–8)
		C.COLI	..	33	6,50	14,86	2)–8)
		C.,THERMOPHILIC	..	10	1,97	4,50	8)
		C., sp.	..	2	0,39	0,90	2)
Mh-Aufzucht							
1 (1)	ST	*CAMPYLOBACTER*	13	2	15,38		
		C.JEJUNI	..	1	7,69		
		C.COLI	..	1	7,69		
Puten/Truthühner							
4 (2)	SN,ST,BW,BY	*CAMPYLOBACTER*	278	82	29,50		3),4),5)
		C.JEJUNI	..	52	18,71	65,82	3),4),5)
		C.COLI	..	27	9,71	34,18	3),4),5)
Puten/Truthühner – Mast							
3 (3)	ST,TH,BW	*CAMPYLOBACTER*	72	40	55,56		3),8)
		C.JEJUNI	..	23	31,94	57,50	8)
		C.,THERMOPHILIC	..	11	15,28	27,50	8)
		C.COLI	..	6	8,33	15,00	8)
Nutzgeflügel, sonst							
9 (10)	BY,HH,NI,NW,	*CAMPYLOBACTER*	470	84	17,87		9)
	SN,ST,TH,BB,	C.JEJUNI	..	48	10,21	58,54	
	BW	C.COLI	..	33	7,02	40,24	
		C.,THERMOPHILIC	..	1	0,21	1,22	
Wildvögel							
1 (1)	BY	*CAMPYLOBACTER*	39	3	7,69		
		C.JEJUNI	..	3	7,69		
Rinder, gesamt							
11 (13)	BW,BY,NW,RP,	*CAMPYLOBACTER*	7707	401	5,20		10),11)
	SN,ST,TH,BB,	C.JEJUNI	..	262	3,40	65,99	
	HE,MV,NI	C.COLI	..	115	1,49	28,97	
		C.FETUS	..	8	0,10	2,02	
		C.SPUTORUM	..	5	0,06	1,26	11)
		C.LARI	..	3	0,04	0,76	
		C.LANIENAE	..	1	0,01	0,25	
		C., sp.	..	3	0,04	0,76	

Fortsetzung Tab. 4.2.6 b): Tiere 2016 – *CAMPYLOBACTER* (Einzeltiere)

Quelle *)	Länder	Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
Kälber							
9 (8)	ST,TH,BW,BY,	*CAMPYLOBACTER*	2079	61	2,93		11),12)
	HH,MV,NI,NW,	C.JEJUNI	..	52	2,50	91,23	
	RP	C.FETUS	..	3	0,14	5,26	
		C.COLI	..	1	0,05	1,75	
		C.SPUTORUM	..	1	0,05	1,75	11)
Milchrinder							
4 (4)	ST,TH,MV,NW	*CAMPYLOBACTER*	430	3	0,70		11),13)
		C.JEJUNI	..	2	0,47		
		C.COLI	..	1	0,23		
Schweine							
8 (9)	BW,SN,ST,TH,	*CAMPYLOBACTER*	1007	113	11,22		
	BY,HE,MV,NW	C.COLI	..	109	10,82	99,09	
		C.JEJUNI	..	1	0,10	0,91	
Schafe							
10 (11)	BW,BY,NI,NW,	*CAMPYLOBACTER*	449	13	2,90		11),13)
	RP,SN,ST,TH,	C.JEJUNI	..	9	2,00	69,23	
	BB,MV	C.COLI	..	2	0,45	15,38	
		C.FETUS	..	1	0,22	7,69	
		C. sp.	..	1	0,22	7,69	
Ziegen							
11 (11)	BW,BY,HH,NI,	*CAMPYLOBACTER*	200	8	4,00		11),13)
	RP,SN,ST,TH,	C.JEJUNI	..	6	3,00	54,55	
	HE,MV,NW	C.LANIENAE	..	3	1,50	27,27	
		C.COLI	..	2	1,00	18,18	
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Pferde							
6 (6)	BW,BY,SN,ST, TH,MV	*CAMPYLOBACTER*	625	1	0,16		13),14)
Hund							
11 (14)	BW,BY,HH,NW,	*CAMPYLOBACTER*	1586	168	10,59		14),15)
	RP,SN,ST,TH,	C.JEJUNI	..	73	4,60	50,00	15)
	BE,HE,MV	C.UPSALIENSIS	..	64	4,04	43,84	15)
		C.COLI	..	8	0,50	5,48	
		thermophile C.	..	1	0,06	0,68	
Katze							
7 (10)	BW,BY,HH,NW,	*CAMPYLOBACTER*	882	54	6,12		
	SN,ST,TH	C.JEJUNI	..	37	4,20	67,27	
		C.UPSALIENSIS	..	11	1,25	20,00	
		C.COLI	..	7	0,79	12,73	
		Mehrfachisolate (add.isol.)					
Heimtiere, sonst							
8 (8)	BW,BY,HH,SN,	*CAMPYLOBACTER*	394	6	1,52		
	ST,TH,MV,NW	C.JEJUNI	..	3	0,76		
		C.COLI	..	1	0,25		
		C. hyointest. ssp. hyoint.	..	1	0,25		
Zootiere							
8 (9)	BW,BY,NW,SN,	*CAMPYLOBACTER*	935	55	5,88		
	ST,TH,HE,MV	C.JEJUNI	..	36	3,85	75,00	
		C.COLI	..	10	1,07	20,83	
		C.LANIENAE	..	1	0,11	2,08	
		C., sp.	..	1	0,11	2,08	

Fortsetzung Tab. 4.2.6 b): Tiere 2016 – *CAMPYLOBACTER* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
*)	Länder						
Tiere, sonst							
11 (12)	BY,HH,NI,NW,	*CAMPYLOBACTER*	759	110	14,49		17)
	RP,SN,ST,BB,	C.COLI	..	67	8,83	79,76	
	BE,BW,HE	C.JEJUNI	..	13	1,71	15,48	
		C.UPSALIENSIS	..	2	0,26	2,38	
		C.LARI	..	1	0,13	1,19	
		C.HYOINTESTINALIS	..	1	0,13	1,19	

Anmerkungen

1) TH: alle Hühner außer Masthähnchen
2) BB: ZoMo 2016 SH-6
3) BY,BW: AVV-Zoonosen-Stichprobenplan
4) BY: Eine Probe war positiv für *C. coli* und *C. jejuni*
5) SN: AVV-Zoonose-Monitoring
6) ST: AVV Zoonosen, Schlachthof Programm SH6
7) ST: Blinddarmkot von Masthähnchen
8) TH: AVV-Zoonosen
9) BY: 2 Enten, 1 Wachtel
10) TH: Besamungsbullen und Aborte
11) NW: Abortdiagnostik
12) BY: Präputialspülproben zur Untersuchung auf Deckseuchenerreger
13) TH: Aborte
14) BY: Krankheitsursache
15) BW: thermophile *Campylobacter*
16) NI: Wild/Reh
17) RP: Damhirsch

4.3 Shigatoxin-/verotoxinbildende *Escherichia coli*

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“ sowie dem Nationalen Referenzlabor für *Escherichia coli* einschließlich verotoxinbildende *E. coli*

B.-A. Tenhagen, A. Käsbohrer, E. Hauser, M. Hartung

4.3.1 Einleitung

Die Zahl an das RKI gemeldeter Erkrankungen durch enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC) bei Menschen ist 2016 gegenüber 2015 um 12 % auf 1.816 Fälle angestiegen. Die Inzidenz betrug 2,2 Erkrankungen je 100.000 Einwohner. Die zehn am häufigsten berichteten Serogruppen waren 2016 O91, Ont, O157, O26, O103, O146, O145, O113, O128 und O55. Fälle des hämolytisch-urämischen Syndroms (HUS) wurden durch O157, O26, O145, O80, O113, O119, O121, O124 und Ont ausgelöst. Durch HUS starben vier Personen (nach RKI, 2017; Abb. 4.3.1). Bei beiden Erkrankungen erfolgen die meisten Meldungen allerdings ohne Angaben zur Serogruppe.

Einige Stämme des Darmbakteriums *Escherichia coli* bilden sogenannte Shigatoxine und können schwere blutige Durchfälle auslösen. Diese Stämme werden als enterohämorrhagische *E. coli* (EHEC) bzw. als Shigatoxin-produzierende *E. coli* (STEC) oder Verotoxin-produzierende *E. coli* (VTEC) bezeichnet. Die Fähigkeit zur Toxinbildung ist genetisch durch die sogenannten stx-Gene codiert. Leitmerkmal besonders pathogener Stämme ist das *eae*-Gen, welches für das Protein Intimin codiert. Mittels des Intimins kann ein STEC/VTEC sich an Darmzellen anheften und Erkrankungen auslösen.

Untersuchungen zu STEC/VTEC wurden 2016 im Rahmen des Zoonosen-Monitorings, der Lebensmittelüberwachung und bei Untersuchungen von Tieren durchgeführt.

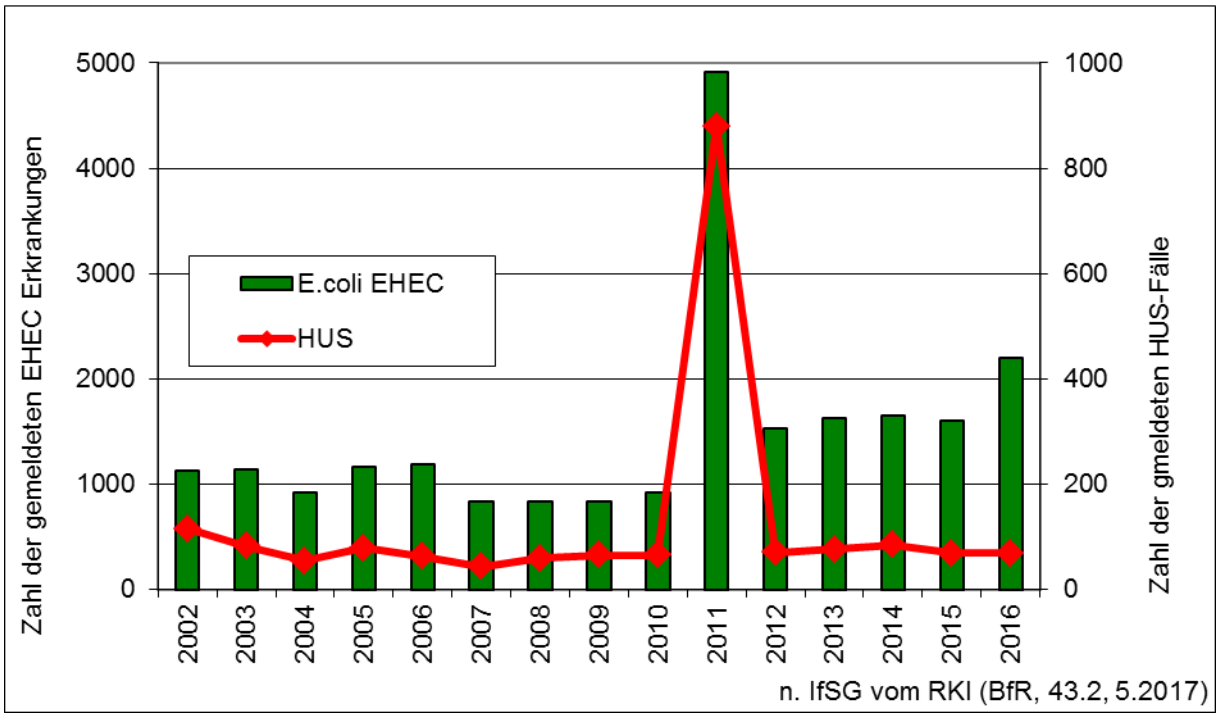

Abb. 4.3.1: Gemeldete *E. coli*-Infektionen (EHEC) sowie HUS-Erkrankungen beim Menschen 2002–2016 (n. RKI, 2017: nach IfSG)

4.3.2 Untersuchungen in Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016

Es wurden im Zoonosen-Monitoring 2016 Kotproben von erjagten Wildschweinen sowie Tomaten und Sprossen aus dem Einzelhandel auf STEC/VTEC untersucht. Keine der untersuchten Proben von Tomaten und Sprossen aus dem Einzelhandel war positiv für STEC/VTEC (Tab. 4.3.1). Von den untersuchten Wildschweinkotproben waren 6,9 % positiv für STEC/VTEC, wobei der Anteil positiver Proben bei jungen Wildschweinen höher war (13,2 %) als bei ausgewachsenen Tieren (4,8 %).

Insgesamt wurden aus 29 Proben von Wildschweinkot Isolate als STEC/VTEC im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016 an das NRL für *E. coli* am BfR eingesandt. Aus 24 Proben konnte zumindest ein eingesandtes Isolat als Träger eines *stx*-Gens identifiziert werden (82,8 %). Von diesen 24 Isolaten waren allerdings drei im Ridascreen-ELISA negativ, d.h., sie produzierten kein messbares Shigatoxin. Bis auf ein Isolat wiesen alle Isolate ein *stx*2-Gen auf. Vier Isolate trugen ein *stx*1-Gen.

Die Isolate gehörten 15 verschiedenen O-Gruppen an. Ein Isolat konnte hinsichtlich seines O-Antigens nicht typisiert werden, sondern war serologisch rau. Die O-Gruppe 46 war am häufigsten vertreten (sechs Isolate), gefolgt von Gruppe 27 (drei Isolate) und den O-Gruppen 23, 36 und 157 (je zwei Isolate). Die anderen O-Gruppen waren jeweils nur einmal vertreten. Innerhalb der O-Gruppen wiesen die Isolate meist ähnliche Muster bzgl. ausgewählter Gene auf (Tab. 4.3.2). Die beiden Isolate von O157 wiesen beide das H7-Antigen und die Gene *eae* und *e-hly* auf, die für Virulenzfaktoren codieren. Das *eae*-Gen wurde auch bei den Isolaten der Serogruppen O26 und O45 nachgewiesen. Auch diese Isolate trugen das *e*-hly-Gen. Bei keiner anderen Serogruppe wurde das *eae*-Gen entdeckt. Das Gen *e-hly* wurde bei insgesamt 13 Isolaten (54,2 %) nachgewiesen.

Tab. 4.3.1: Prävalenz von STEC/VTEC in Proben im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016

Matrix	untersuchte Proben (N)	VTEC-positive Proben (n)	95% Konfidenzintervall
Tomaten (Cocktail/Cherry)	475	0	0,0 (0,0–1,0)
Sprossen (frisch)	368	0	0,0 (0,0–1,2)
Kotproben von Wildschweinen			
- Gesamt	535	37	6,9 (5,0–9,4)
- Jungtiere	136	18	13,2 (8,5–20,0)
- ausgewachsene Tiere	378	18	4,8 (3,0–7,4)
- keine Angabe zum Alter	21	1	4,8 (0,0–24,4)

Tab. 4.3.2: Ergebnisse der Untersuchung eingesandter STEC/VTEC-Isolate aus Wildschweinkot auf Shigatoxin einschließlich der codierenden Gene sowie des *eae*- und des *e-hly*-Gens

O-Ag	H-Ag	n	*stx1*	*stx2*	Shigatoxin	*eae*	*e-hly*
rau	[30]	1	-	+	+	-	-
15	[16]	1	-	+	-	-	-
23	8	2	+	+	+	-	+
26	[11]	1	-	+	+	+	+
27	[30]	3	-	+	+	-	-
36	[14]	1	-	+	-	-	+
45	[2]	1	-	+	+	+	+
85	[18]	1	-	+	+	-	+
36	19	1	-	+	+	-	-
100	[30]	1	-	+	+	-	-
110	[45]	1	-	+	+	-	+
128	[2]	1	+	+	+	-	+
146	[21]	1	+	-	+	-	+
146	28	1	-	+	+	-	-
146	[28]	3	-	+	+	-	-
146	[28]	1	-	+	+	-	+
157	7	1	+	+	+	+	+
157	7	1	-	+	+	+	+
187	[28]	1	-	+	-	-	+
Gesamt		24	4	23	21	4	13

[..] H-Antigene in eckigen Klammern wurden molekularbiologisch, nicht serologisch bestimmt
rau: serologisch rau

4.3.3 Mitteilungen der Länder über STEC/VTEC-Nachweise bei der Lebensmittelüberwachung in Deutschland

Für die nachfolgende Ergebnisdarstellung wurden Untersuchungen, bei denen die Toxinbildungsfähigkeit mittels SLT-PCR, ELISA oder Zytotoxintestung bestätigt worden war, als Untersuchungen auf STEC/VTEC gewertet. Die Ergebnisse sind in Tab. 4.3.34.3.5 und Abb. 4.3.2 dargestellt.

Untersuchungen der Planproben von Lebensmitteln wurden insbesondere für Rindfleisch und Hackfleisch berichtet. STEC/VTEC wurde hauptsächlich aus unverarbeiteten bzw. aus Produkten aus rohen Lebensmitteln isoliert (Abb. 4.3.2). In Rindfleisch wurde STEC/VTEC in 3,0 % (2015: 2,1 %) und in Hackfleisch in 4,4 % der Planproben (2015: 3,5 %) nachgewiesen. STEC/VTEC wurde bei Hackfleisch aus Rindfleisch in 4,2 % der Proben und in gemischtem Hackfleisch bei 5,2 % der Proben gefunden (2015: 2,7 % bzw. 6,6 %). Aus 6,6 % der Hackfleischzubereitungen wurde STEC/VTEC isoliert (2015: 4,8 %). Aus stabilisierten Fleischerzeugnissen wurden Nachweise von STEC/VTEC in der Höhe von 1,9 % mitgeteilt (2015: 2,2 %). In einem hohen Anteil (31,9 %, 2015: 20,0 %) von Wildwiederkäuerfleisch wurde STEC/VTEC nachgewiesen, darunter auch Serogruppen, die beim Menschen zu Erkrankungen geführt haben (O146). Auch in Fleisch von Wildschweinen wurde häufig STEC/VTEC gefunden (24,6 %).

Bei 0,5 % der Planproben von Blattgemüse und bei 7,8 % der Proben von sonstigen pflanzlichen Lebensmitteln wurde STEC/VTEC nachgewiesen (2015: beide negativ).

In Sammelmilch (Rohmilch zur Herstellung von pasteurisierter Milch) wurde STEC/VTEC in 2,3 % der Proben mitgeteilt (2015: 5,3 %). STEC/VTEC wurde aus Vorzugsmilch wie im Vorjahr nicht mitgeteilt, dagegen bei Rohmilch ab Hof in 3,5 % (2015: 11 %) der Proben.

Von den zehn häufigsten Serogruppen von STEC/VTEC, die beim Menschen 2016 Infektionen erregt hatten, wurden O113 in Rindfleisch, O146 in Wildwiederkäuerfleisch und sonstigem Wildfleisch, O128 und O146 in zerkleinertem Rohfleisch, O113 in Hackfleisch aus Rindfleisch sowie O91 in Hackfleischerzeugnissen nachgewiesen.

In Tab. 4.3.4 sind die Mitteilungen über die Ergebnisse der Untersuchung von Anlassproben mit den dabei nachgewiesenen Serogruppen ausgeführt.

In Abb. 4.3.3 ist die wöchentliche Verteilung der Ergebnisse für Hackfleischzubereitungen von sieben Ländern dargestellt. Die positiven STEC/VTEC-Nachweise zeigen eine Verteilung, die mit den Humanerkrankungen durch EHEC und HUS zu 35,0 % korreliert ist. Für die wenigen Nachweise von *stx*1 und *stx*2 ergaben sich 21,2 % bzw. 47,4 % Übereinstimmung. Im Sommer (28. bis 34. Woche) wurden mehr Erkrankungen bei Menschen verzeichnet, jedoch keine STEC/VTEC in Lebensmitteln nachgewiesen.

In Abb. 4.3.4 ist die Länderverteilung von STEC/VTEC-Nachweisen aus Wildfleisch 2016 (Fleisch von allen Wildtieren) sowie der Serogruppenn in den einzelnen Ländern dargestellt.

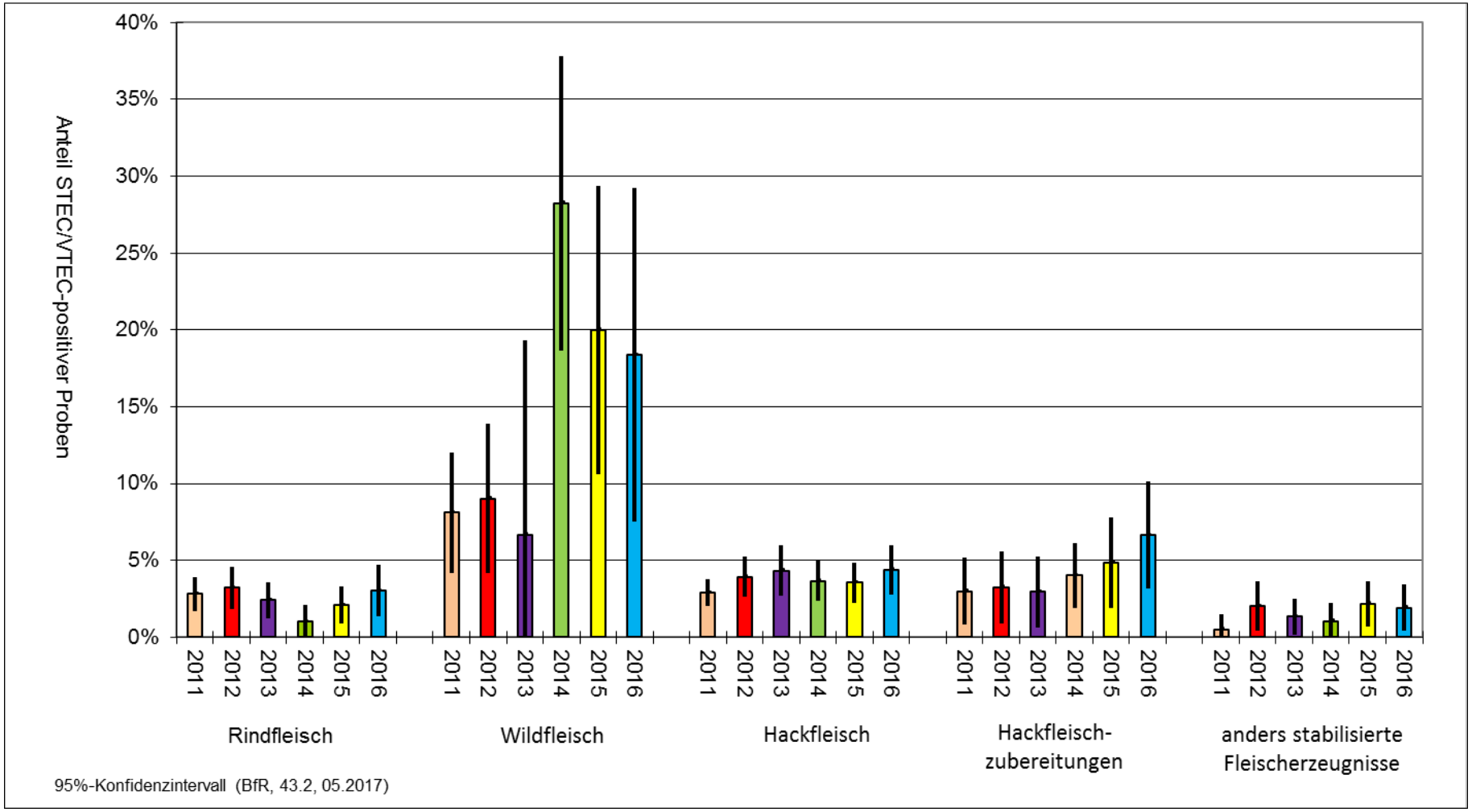

Abb. 4.3.2: *E. coli* (STEC/VTEC) in ausgewählten Lebensmittel-Planproben 2011–2016

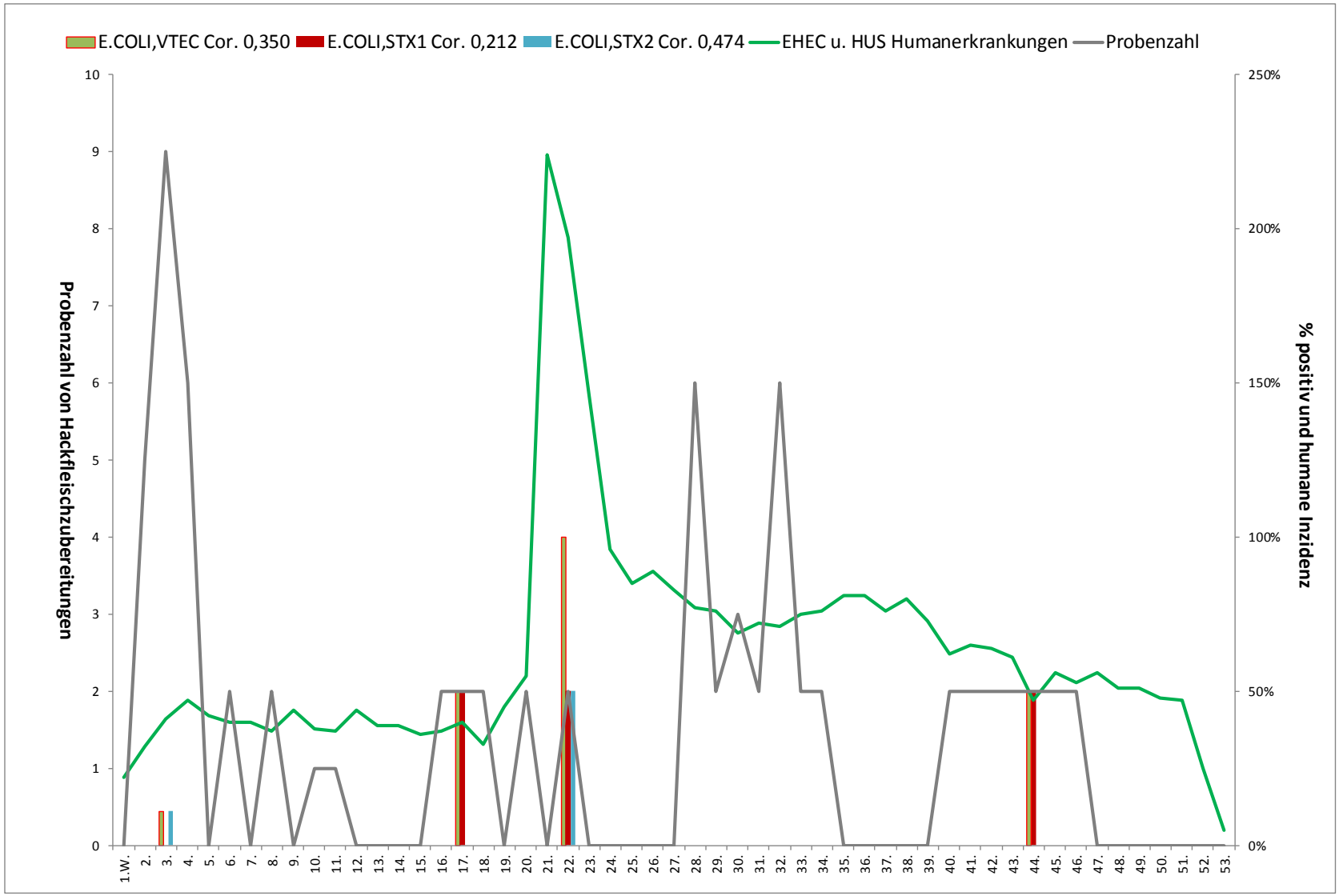

Abb. 4.3.3: Wöchentliche Verteilung nach den Einzeldaten-Mitteilungen aus sieben Ländern über STEC/VTEC-Nachweise aus Hackfleischzubereitungen, 2016, korreliert mit den zeitgleichen humanen Erkrankungen mit EHEC oder HUS

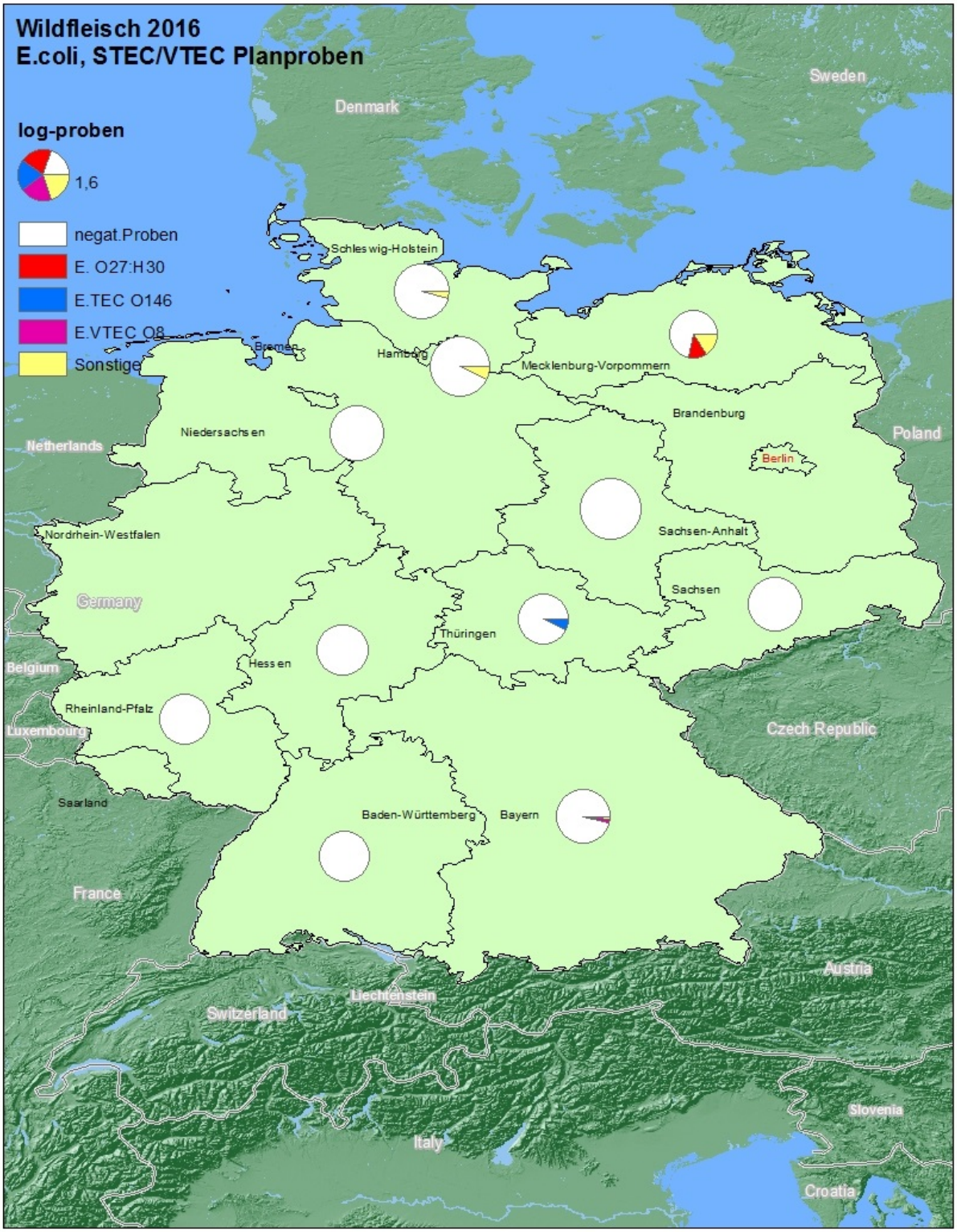

Abb. 4.3.4: Länderverteilung von STEC/VTEC-Nachweisen aus Wildfleisch 2016 (Fleisch von allen Wildtieren)

4.3.4 Mitteilungen der Länder über STEC/VTEC-Nachweise bei Untersuchungen von Tieren in Deutschland

Die Befragung der Länder über STEC/VTEC betrafen die Untersuchungen auf *E. coli*, bei denen die Toxinbildungsfähigkeit mittels *stx*-PCR, ELISA oder Zytotoxintestung geprüft worden war. Die Ergebnisse für 2016 sind in Tab. 4.3.5 dargestellt. Dabei handelte es sich nicht nur um systematische Untersuchungen, sodass die angegebenen Prozentzahlen vor allem eine Auskunft über das Vorkommen von STEC/VTEC in der Population geben, nicht aber über die Prävalenz.

Drei Länder übermittelten Untersuchungsergebnisse zu STEC/VTEC bei **Rinder**herden (Tab. 4.3.5). Hierbei wurden in 1,4 % STEC/VTEC nachgewiesen (2015: 6,3 %). Bei den Einzeltieruntersuchungen, die aus vier Ländern berichtet wurden, wurden bei 4,4 % der Rinder STEC/VTEC (2015: 14,4 %) mitgeteilt.

Bei den Untersuchungen von **Schweine**herden wurden eine STEC/VTEC-Nachweisrate von 25,4 % berichtet (2015: 14,9 %). In Einzeltieruntersuchungen konnten bei 15,7 % der Tiere STEC/VTEC nachgewiesen werden (2015: 10,1 %), wobei O157 einmal angegeben wurde. Ein Bundesland berichtete von der Untersuchung von Planproben von freilebenden Wildschweinen, die 100 % der berichteten Untersuchungen ausmachten und zu 3,2 % positiv waren.

Ziegen waren in zwei von sieben Proben (29 %) positiv für STEC/VTEC, **Schafe** in drei von 31 Proben (10 %). In einer Probe konnte O26 identifiziert werden.

4.3.5 Übergreifende Betrachtung

Die an das RKI gemeldeten durch EHEC verursachten Erkrankungen bei Menschen sind 2016 um 12 % auf 1.816 Fälle angestiegen. Die Inzidenz betrug 2,2 Erkrankungen je 100.000 Einwohner. Die zehn am häufigsten berichteten Serogruppen waren: O91, Ont, O157, O26, O103, O146, O145, O113, O128 und O55. HUS-Fälle wurden durch O157, O26, O145, O80, O113, O119, O121, O124 und Ont ausgelöst. 2016 wurden vier Todesfälle durch HUS registriert, jeweils ohne Serogruppen-Angabe (RKI, 2017).

Als Reservoir von STEC/VTEC für den Menschen gelten vor allem Wiederkäuer und die von ihnen stammenden Lebensmittel. Die Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings des Jahres 2016 zeigen jedoch, dass STEC/VTEC auch bei Schweinen und Wildschweinen nachzuweisen ist. Beim Wildschwein wurden insbesondere STEC/VTEC der O-Gruppe 157 nachgewiesen, die auch das *eae*-Gen aufwiesen. Das bedeutet, dass diese Tiere ebenfalls als Reservoir für die Keime in Betracht kommen und bei Untersuchungen zu STEC/VTEC nicht außer Acht gelassen werden sollten.

Von den Serogruppen von STEC/VTEC, die beim Menschen 2016 die zehn häufigsten Infektionen erregt hatten, wurden O113 aus Rindfleisch, O146 aus Wildwiederkäuerfleisch und sonstigem Wildfleisch, O128 und O146 aus zerkleinertem Rohfleisch, O113 aus Hackfleisch aus Rindfleisch sowie O91 aus Hackfleischerzeugnissen nachgewiesen. O157 wurde im Kot von Wildschweinen nachgewiesen.

Obst und Gemüse werden immer wieder mit EHEC-Erkrankungen in Verbindung gebracht (Davidson et al., 2011, Taylor et al., 2013), auch wenn relativ selten Nachweise auf Obst gelingen (Ontario Ministry of Agriculture and Food and Ministry of Rural Affairs, 2014; Hartung et al., 2016). Im Rahmen der Lebensmittelüberwachung gab es 2016 auch STEC/VTEC-Nachweise aus pflanzlichen Lebensmitteln. Bei den im Zoonosen-Monitoring

des Jahres 2016 untersuchten Sprossen und Tomaten konnten keine STEC/VTEC nachgewiesen werden.

4.3.6 Literatur

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

Boraychuk, V. M. et al. (2009): A microbiological survey of selected Alberta-grown fresh produce from farmers' markets in Alberta, Canada. J Food Protect 72: 415–420

Davidson, V. J. et al. (2011): Food-specific attribution of selected gastrointestinal illnesses: estimates from a Canadian expert elicitation survey. Foodborne Pathog Dis 8: 983–995

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

Ontario Ministry of Agriculture and Food, and Ministry of Rural Affairs (2014): 2012 Food Safety Monitoring Program Results Summary.

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

Taylor, E. V. et al. (2013): Multistate outbreak of *Escherichia coli* O145 infections associated with Romaine lettuce consumption, 2010. J Food Protect 76: 939–944

Tab. 4.3.3: Lebensmittel-Planproben 2016 – E. COLI (STEC/VTEC)[1]

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	An-
*)	Länder		Proben	.			chung	intervall (%)	merk.
Fleisch ohne Geflügel, gesamt									
12 (14)	HE,BY,HH,	E.COLI,VTEC	738	81	10,98		±2,26	8,72–13,23	1),3),4)
	SH, BW,MV,	*STX*2	..	22	2,98	34,92	±1,23	1,75–4,21	4)
	SN,NI,NW,	*STX*1	..	10	1,36	15,87	±0,83	0,52–2,19	4)
	ST,RP,TH	O27:H30	..	3	0,41	4,76	±0,46	0,00–0,87	
		O8:H16	..	2	0,27	3,17	±0,38	0,00–0,65	1)–3)
		O146	..	2	0,27	3,17	±0,38	0,00–0,65	5)
		O8	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	
		O8:H19	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	1)
		O187	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	
		O38	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	
		O74:H52	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	1)
		O186:H–	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	1)
		O186:H49	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	1)
		ONT:H21	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	1)
		O86:H51	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	1)
		O88:H25	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	1)
		ONT:H11	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	1)
		ONT:H12	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	1)
		ONT:H14	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	1)
		ONT:H19	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	1)
		O175:HNM	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	3)
		O175:(H21)	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	3)
		ONT:(H8)	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	
		ONT:H5	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	
		O113:(H21)E	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	
		O146:H21	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	
		O21:H21	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	
		OR:H2	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	
		O146:H28	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	
		ESBL	..	1	0,14	1,59	±0,27	0,00–0,40	
Rindfleisch									
11 (12)	HE,BY,HH,	E.COLI,VTEC	396	12	3,03		±1,69	1,34–4,72	1),4)
	SH, BW,MV,	O8:H16	..	1	0,25	10,00	±0,49	0,00–0,75	
	SN,NI,ST,	ONT:H21	..	1	0,25	10,00	±0,49	0,00–0,75	
	RP,TH	O86:H51	..	1	0,25	10,00	±0,49	0,00–0,75	1)
		O88:H25	..	1	0,25	10,00	±0,49	0,00–0,75	1)
		O186:H49	..	1	0,25	10,00	±0,49	0,00–0,75	1)
		ONT:H11	..	1	0,25	10,00	±0,49	0,00–0,75	1)
		ONT:H12	..	1	0,25	10,00	±0,49	0,00–0,75	1)
		ONT:H14	..	1	0,25	10,00	±0,49	0,00–0,75	1)
		ONT:H19	..	1	0,25	10,00	±0,49	0,00–0,75	1)
		O113:(H21)E	..	1	0,25	10,00	±0,49	0,00–0,75	
Kalbfleisch									
5 (5)	HH,SH,SN, NI, ST	E.COLI,VTEC	10	2	20,00		±24,79	0,00–44,79	1),4)
Schweinefleisch									
5 (5)	BY,SH,SN,NI,	E.COLI,VTEC	38	1	2,63		±5,09	0,00–7,72	4)
	ST	*STX*2	..	1	2,63		±5,09	0,00–7,72	4)
Schaffleisch									
7 (8)	HH,SH,MV,	E.COLI,VTEC	68	10	14,71		±8,42	6,29–23,12	4),6)
	SN,NI,ST,RP	*STX*1	..	1	1,47		±2,86	0,00–4,33	4)
		*STX*2	..	1	1,47		±2,86	0,00–4,33	4)
		O38:H30	..	1	1,47		±2,86	0,00–4,33	6)
		O74:H52	..	1	1,47		±2,86	0,00–4,33	6)
		O186:H-	..	1	1,47		±2,86	0,00–4,33	
		OR:H2	..	1	1,47		±2,86	0,00–4,33	

[1] Vgl. Erläuterungen unter Methoden (cf. methods).

Fortsetzung Tab. 4.3.3: Lebensmittel-Planproben 2016 – *E. coli* (STEC/VTEC)

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	An-
*)	Länder		Proben	.			chung	intervall (%)	merk.
Wildwiederkäuerfleisch, gesamt									
7 (7)	BY,HH,MV,	E.COLI,VTEC	73	24	32,88		±10,78	22,10–43,65	4)
	NI,RP,SN,ST	STX2	..	6	8,22	42,86	±6,30	1,92–14,52	4)
		O27:H30	..	3	4,11	21,43	±4,55	0,00–8,66	
		STX1	..	1	1,37	7,14			4)
		O8	..	1	1,37	7,14			
		O146:H21	..	1	1,37	7,14			
		O146:H28	..	1	1,37	7,14			
		O21:H21	..	1	1,37	7,14			
Fleisch v. Wildschwein									
2 (3)	NI,ST	E.COLI,VTEC	65	16	24,62		±10,47	14,14–35,09	4)
		*STX*2	..	11	16,92	68,75	±9,12	7,81–26,04	4)
		*STX*1	..	5	7,69	31,25	±6,48	1,21–14,17	4)
Wildfleisch, sonst									
5 (6)	BY,HH,SH,	E.COLI,VTEC	49	9	18,37		±10,84	7,53–29,21	3)
	SN,TH	O146	..	2	4,08		±5,54	0,00–9,62	5)
		O187	..	1	2,04		±3,96	0,00–6,00	
		O8:H19	..	1	2,04		±3,96	0,00–6,00	
		O8:H16	..	1	2,04		±3,96	0,00–6,00	3)
		O175:HNM	..	1	2,04		±3,96	0,00–6,00	3)
		O175:(H21)	..	1	2,04		±3,96	0,00–6,00	3)
		ONT:(H8)	..	1	2,04		±3,96	0,00–6,00	
		ONT:H5	..	1	2,04		±3,96	0,00–6,00	
Fleischteilstücke, roh, küchenmäßig vorbereitet									
2 (3)	NI,ST	E.COLI,VTEC	16	0					4)
aus Rindfleisch									
1 (2)	NI	E.COLI,VTEC	14	0					
Rohfleisch, zerkleinert (Stücke bis 100 g)									
10 (11)	BY,HH,SH,	E.COLI,VTEC	62	14	22,58		±10,41	12,17–32,99	4),7)
	MV,SN,NI,	*STX*2	..	2	3,23		±4,40	0,00–7,62	4)
	NW,ST,RP,	*STX*1	..	1	1,61		±3,14	0,00–4,75	4)
	TH	O21:H21	..	1	1,61		±3,14	0,00–4,75	
		O128:H2	..	1	1,61		±3,14	0,00–4,75	
		O146	..	1	1,61		±3,14	0,00–4,75	
		O8	..	1	1,61		±3,14	0,00–4,75	8)
		O27	..	1	1,61		±3,14	0,00–4,75	9)
aus Rindfleisch									
9 (10)	BY,HH,SH,	E.COLI,VTEC	37	2	5,41		±7,29	0,00–12,69	4),7)
	MV,SN,NI, NW,ST,TH	*STX*2	..	1	2,70		±5,23	0,00–7,93	
aus Schweinefleisch									
2 (2)	BY,SH		2	1	50,00		±69,30		
aus anderem Fleisch ohne Geflügel									
6 (6)	SH,MV,SN,	E.COLI,VTEC	23	11	47,83		±20,42	27,41–68,24	4)
	ST,RP,TH	*STX*1	..	1	4,35		±8,33	0,00–12,68	4)
		*STX*2	..	1	4,35		±8,33	0,00–12,68	4)
		O21:H21	..	1	4,35		±8,33	0,00–12,68	
		O128:H2	..	1	4,35		±8,33	0,00–12,68	
		O139	..	1	4,35		±8,33	0,00–12,68	10)
		O8	..	1	4,35		±8,33	0,00–12,68	8)
		O79	..	1	4,35		±8,33	0,00–12,68	

Fortsetzung Tab. 4.3.3: Lebensmittel-Planproben 2016 – *E. coli* (STEC/VTEC)

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	An-
*)	Länder		Proben	.			chung	intervall (%)	merk.
Hackfleisch									
11 (12)	HE,BY,HH, SH, MV,SN,	E.COLI,VTEC	615	27	4,39		±1,62	2,77–6,01	4),7), 11)
	NI,NW,ST,	*STX*2	..	5	0,81	22,73	±0,71	0,10–1,52	4)
	RP,TH	*STX*1	..	3	0,49	13,64	±0,55	0,00–1,04	4)
		O123	..	2	0,33	9,09	±0,45	0,00–0,78	
		O141	..	1	0,16	4,55	±0,32	0,00–0,48	
		ONT	..	1	0,16	4,55	±0,32	0,00–0,48	
		O15:H4	..	1	0,16	4,55	±0,32	0,00–0,48	11)
		O38:H30	..	1	0,16	4,55	±0,32	0,00–0,48	11)
		O130:H11	..	1	0,16	4,55	±0,32	0,00–0,48	
		O8:H9	..	1	0,16	4,55	±0,32	0,00–0,48	
		O100:H30	..	1	0,16	4,55	±0,32	0,00–0,48	
		O177:H25	..	1	0,16	4,55	±0,32	0,00–0,48	
		O174:H2	..	1	0,16	4,55	±0,32	0,00–0,48	
		O179:H8	..	1	0,16	4,55	±0,32	0,00–0,48	
		O113:H21	..	1	0,16	4,55	±0,32	0,00–0,48	
		O79	..	1	0,16	4,55	±0,32	0,00–0,48	12)
aus Rindfleisch									
10 (11)	BY,HH,SH,	E.COLI,VTEC	307	13	4,23		±2,25	1,98–6,49	4)
	MV,SN,NI,	*STX*2	..	3	0,98	27,27	±1,10	0,00–2,08	4)
	NW,ST,RP,	*STX*1	..	1	0,33	9,09	±0,64	0,00–0,96	4)
	TH	ONT	..	1	0,33	9,09	±0,64	0,00–0,96	
		O123	..	1	0,33	9,09	±0,64	0,00–0,96	
		O130:H11	..	1	0,33	9,09	±0,64	0,00–0,96	
		O100:H30	..	1	0,33	9,09	±0,64	0,00–0,96	
		O177:H25	..	1	0,33	9,09	±0,64	0,00–0,96	
		O113:H21	..	1	0,33	9,09	±0,64	0,00–0,96	
		O79	..	1	0,33	9,09	±0,64	0,00–0,96	12)
gemischt (Rind/Schwein)									
7 (8)	BY,SH,MV,	E.COLI,VTEC	172	9	5,23		±3,33	1,90–8,56	4)
	SN,NI,ST,TH	*STX*1	..	1	0,58		±1,14	0,00–1,72	4)
		*STX*2	..	1	0,58		±1,14	0,00–1,72	4)
		O141	..	1	0,58		±1,14	0,00–1,72	
		O8:H9	..	1	0,58		±1,14	0,00–1,72	
		O174:H2	..	1	0,58		±1,14	0,00–1,72	
		O179:H8	..	1	0,58		±1,14	0,00–1,72	
aus Schweinefleisch									
2 (2)	BY,SH	E.COLI,VTEC	18	1	5,56		±10,58	0,00–16,14	
aus anderem Fleisch ohne Geflügel									
4 (4)	BY,HH,SH,	E.COLI,VTEC	9	1	11,11		±20,53	0,00–31,64	11)
	TH	O15:H4	..	1	11,11		±20,53	0,00–31,64	11)
		O38:H30	..	1	11,11		±20,53	0,00–31,64	11)
		Mehrfachisolate (add.isol.)							
Hackfleischzubereitungen									
9 (9)	HE,BY,HH,	E.COLI,VTEC	196	13	6,63		±3,48	3,15–10,12	4),13)
	SH,MV,NI,	*STX*1	..	3	1,53	27,27	±1,72	0,00–3,25	4)
	NW,ST,TH	*STX*2	..	2	1,02	18,18	±1,41	0,00–2,43	4)
		O91:(H14)	..	1	0,51	9,09	±1,00	0,00–1,51	13)
		ONT	..	1	0,51	9,09	±1,00	0,00–1,51	
		O68	..	1	0,51	9,09	±1,00	0,00–1,51	
		O8:(H2)	..	1	0,51	9,09	±1,00	0,00–1,51	13)
		O147:(H21)	..	1	0,51	9,09	±1,00	0,00–1,51	
		O80:(H26)	..	1	0,51	9,09	±1,00	0,00–1,51	
aus Rindfleisch									
3 (3)	HH,MV,TH	E.COLI,VTEC	13	0					
aus Schweinefleisch									
3 (3)	BY,HH,SH	E.COLI,VTEC	43	4	9,30		±8,68	0,62–17,98	
		ONT	..	1	2,33		±4,50	0,00–6,83	
		O68	..	1	2,33		±4,50	0,00–6,83	

Fortsetzung Tab. 4.3.3: Lebensmittel-Planproben 2016 – *E. coli* (STEC/VTEC)

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	An-
*)	Länder		Proben	.			chung	intervall (%)	merk.
Hitzebehandelte Fleischerzeugnisse									
8 (9)	HE,BY,HH, SH,SN,NI,RP ,TH	E.COLI,VTEC	34	1	2,94		±5,68	0,00–8,62	
aus anderem Fleisch ohne Geflügel									
3 (3)	HE,HH,SN	E.COLI,VTEC	16	0					
Anders stabilisierte Fleischerzeugnisse									
10 (12)	HE,BY,HH,	E.COLI,VTEC	315	6	1,90		±1,51	0,40–3,41	4),13)
	SH,MV,SN,	*STX*2	..	2	0,63		±0,88	0,00–1,51	4)
	NI,SL,ST,TH	O100	..	1	0,32		±0,62	0,00–0,94	
		O25/O68:(H12)	..	1	0,32		±0,62	0,00–0,94	13)
		O8(H45)	..	1	0,32		±0,62	0,00–0,94	13)
		O100:(H30)	..	1	0,32		±0,62	0,00–0,94	
aus Rindfleisch									
6 (8)	BY,SH,SN,NI ,SL,TH	E.COLI,VTEC	29	0					
aus Schweinefleisch									
4 (4)	BY,HH,SH, SN	E.COLI,VTEC	32	0					
Geflügelfleisch, gesamt									
3 (5)	BY,SH,NW	E.COLI,VTEC	258	23	8,91		±3,48	5,44–12,39	7)
		ESBL	..	23	8,91	100	±3,48	5,44–12,39	
Fleisch v. Masthähnchen									
2 (4)	SH,NW	E.COLI,VTEC	125	13	10,40		±5,35	5,05–15,75	7)
		ESBL	..	13	10,40	100	±5,35	5,05–15,75	
Fleisch v. Truthühnern/Puten									
1 (3)	NW	E.COLI,VTEC	132	10	7,58		±4,51	3,06–12,09	7)
		ESBL	..	10	7,58	100	±4,51	3,06–12,09	
Fische, Meerestiere und Erzeugnisse, gesamt									
3 (4)	HE,BY,RP	E.COLI,VTEC	51	0					
Vorzugsmilch									
5 (5)	SH,MV,SN, NW,TH	E.COLI,VTEC	36	0					
Rohmilch ab Hof									
2 (2)	BY,MV	E.COLI,VTEC	57	2	3,51		±4,78	0,00–8,29	
		O181	..	1	1,75		±3,41	0,00–5,16	
		O174	..	1	1,75		±3,41	0,00–5,16	
Sammelmilch (Rohmilch)									
5 (5)	HE,BY,SH,	E.COLI,VTEC	86	2	2,33		±3,19	0,00–5,51	
	MV,SN	O179	..	1	1,16		±2,27	0,00–3,43	
		O116:(H28)	..	1	1,16		±2,27	0,00–3,43	
Rohmilch-Weichkäse									
8 (9)	BY,SH,MV,	E.COLI,VTEC	92	3	3,26		±3,63	0,00–6,89	4),7)
	NI,NW,ST, RP,TH	*STX*1	..	2	2,17		±2,98	0,00–5,15	4)
Rohmilch-Käse, andere									
4 (4)	BY,SH,MV, TH	E.COLI,VTEC	36	0					
Milch, pasteurisiert									
3 (3)	SH,ST,RP	E.COLI,VTEC	10	0					4)
Milchprodukte, ohne Rohmilch									
1 (1)	ST	E.COLI,VTEC	24	0					4)
Weichkäse									
7 (7)	HE,BY,SH, SN,NI,NW,ST	E.COLI,VTEC	82	0					4)
Käse, andere									
9 (10)	HE,BY,SH,	E.COLI,VTEC	288	2	0,69		±0,96	0,00–1,65	4),7)
	MV,SN,NI, NW,ST,RP	O177:H11	..	1	0,35		±0,68	0,00–1,03	

Fortsetzung Tab. 4.3.3: Lebensmittel-Planproben 2016 – *E. coli* (STEC/VTEC)

Quelle *)	Länder	Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)	An-merk.
Rohmilch anderer Tierarten									
6 (6)	BY,SH,MV,	E.COLI,VTEC	47	2	4,26		±5,77	0,00–10,03	4)
	NW,ST,TH	*STX*1	..	1	2,13		±4,13	0,00–6,25	4)
		*STX*2	..	1	2,13		±4,13	0,00–6,25	4)
Käse u. -zubereitungen aus Rohmilch anderer Tierarten									
4 (4)	NI,NW,ST,RP	E.COLI,VTEC	19	1	5,26		±10,04	0,00–15,30	4)
Rohmilch-Weichkäse aus Ziegenmilch									
2 (2)	MV,TH	E.COLI,VTEC	6	2	33,33		±37,72	0,00–71,05	
		ONT:H16	..	1	16,67		±29,82	0,00–46,49	
Ziegenkäse									
5 (5)	HE,SN,NI,	E.COLI,VTEC	36	3	8,33		±9,03	0,00–17,36	4)
	NW,ST	*STX*1	..	1	2,78		±5,37	0,00–8,15	4)
		*STX*2	..	1	2,78		±5,37	0,00–8,15	4)
Milch, unspezifiziert									
4 (7)	NI,NW,RP,ST	E.COLI,VTEC	163	6	3,68		±2,89	0,79–6,57	4),7)
		E.COLI,STX1	..	3	1,84	100	±2,06	0,00–3,90	4)
Speiseeis									
1 (1)	ST	E.COLI,VTEC	16	0					4)
Feinkostsalate – fleischhaltig									
2 (3)	SL,ST	E.COLI,VTEC	28	0					4)
Salate									
2 (2)	NI,ST	E.COLI,VTEC	81	0					4)
		VTEC + EAE	..	0					
Blattgemüse									
6 (6)	SH,BY,MV,	E.COLI,VTEC	202	1	0,50		±0,97	0,00–1,46	14)
	NW,RP,TH	O63	..	1	0,50		±0,97	0,00–1,46	14),15)
Anderes Frischgemüse zum Rohverzehr									
7 (9)	HE,BY,HH, SH,MV,RP, TH	E.COLI,VTEC	286	0					16)
Sprossgemüse									
10 (17)	HE,BY,HH,	E.COLI,VTEC	386	0					7)
	SH,MV,NI, NW,SL,RP, TH	VTEC + EAE	..	0					
Frischgemüse ausgenommen Rhabarber									
1 (4)	NW	E.COLI,VTEC	170	0					
Pflanzliche Lebensmittel, sonst									
4 (4)	BY,SH,RP,TH	E.COLI,VTEC	64	5	7,81		±6,58	1,24–14,39	17)
		O8;O36;O150	..	3	4,69		±5,18	0,00–9,87	17),18)
		O187;O154;O8;O36; O150	..	2	3,13		±4,26	0,00–7,39	17)
Lebensmittel, sonst									
3 (3)	BY,SH,NI	E.COLI,VTEC	62	2	3,23		±4,40	0,00–7,62	
		*STX*1	..	1	1,61		±3,14	0,00–4,75	

Anmerkungen

1) HH: 1 xPCR-Nachweis ohne STEC-Isolat
2) HH: O8:H16
3) SH: 2 Proben postitiv: 1 Probe: O8:H16, 1 Probe Mischkultur aus: O175:HNM, O175:(H21), ONT:(H8), ONT:H5
4) ST: Probenvorbereitung g
5) TH: E.COLI,VTEC O146:H28
6) HH: Dabei 2 unterschiedliche STEC-Isolate in einer Probe
7) NW: Sequenzen zum Nachweis von *Salmonella enterica*
8) TH: E.COLI,VTEC O8:H8
9) TH: E.COLI,VTEC O27:H30
10) TH: E.COLI,VTEC O139:H1
11) HH: 2 unterschiedliche STEC-Isolate in einer Probe
12) TH: E.COLI,VTEC O79:H23
13) SH: Mischkultur
14) RP: Feldsalat
15) RP: E.COLI,VTEC O63:H6
16) RP: Zoon-Mon.Tomaten
17) RP: Mehle
18) RP: E.COLI,VTEC O8;O36;O150

Tab. 4.3.4: Lebensmittel-Anlassproben 2016 – *E. COLI* (STEC/VTEC)[1]

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abweichung	Konfidenzintervall (%)	Anmerk.
*)	Länder								
Fleisch ohne Geflügel, gesamt									
7 (7)	BE,BY,NW,	E.COLI,VTEC	45	5	11,11		±9,18	1,93–20,29	1)–3)
	SH,SN,ST,	O153	..	1	2,22		±4,31	0,00–6,53	2)
	TH	O175:(H21)E	..	1	2,22		±4,31	0,00–6,53	2)
Rindfleisch									
5 (5)	BY,NW,SN, ST,TH	E.COLI,VTEC	16	3	18,75		±19,13	0,00–37,88	1),3)
Schweinefleisch									
3 (3)	BY,NW,SH	E.COLI,VTEC	8	1	12,50		±22,92	0,00–35,42	1)
Schaffleisch									
2 (2)	BE,SH	E.COLI,VTEC	11	0					
Wildfleisch, sonst									
2 (2)	BY,SH	E.COLI,VTEC	5	1	20,00		±35,06	0,00–55,06	2)
		O153:HNT	..	1	20,00		±35,06	0,00–55,06	2)
		O153:H7	..	1	20,00		±35,06	0,00–55,06	
		O175:(H21)E	..	1	20,00		±35,06	0,00–55,06	2)
		Mehrfachisolate (add.isol.)							
Rohfleisch, zerkleinert (Stücke bis 100 g)									
1 (1)	SN	E.COLI,VTEC	1	1	100		±0,00		
Hackfleisch									
5 (5)	BY,HE,NW, SH,SN	E.COLI,VTEC	11	0					
Hackfleischzubereitungen									
3 (3)	BY,HE,SH	E.COLI,VTEC	10	1	10,00		±18,59	0,00–28,59	
aus Schweinefleisch									
1 (1)	BY	E.COLI,VTEC	5	1	20,00		±35,06	0,00–55,06	
Hitzebehandelte Fleischerzeugnisse									
5 (5)	BY,HE,HH, ST,TH	E.COLI,VTEC	23	0					3)
Anders stabilisierte Fleischerzeugnisse									
5 (6)	BY,HE,NW,	E.COLI,VTEC	35	3	8,57		±9,27	0,00–17,85	1),3)
	SH,ST	ONT	..	1	2,86		±5,52	0,00–8,38	
		O100	..	1	2,86		±5,52	0,00–8,38	
		O36	..	1	2,86		±5,52	0,00–8,38	
Fleischerzeugnisse mit Geflügelfleisch									
4 (4)	HE,HH,NW, ST	E.COLI,VTEC	30	0					1),3)
Rohmilch ab Hof									
1 (1)	BY	E.COLI,VTEC	3	1	33,33		±53,34	0,00–86,68	4)
		O80:H2	..	1	33,33		±53,34	0,00–86,68	4)
Sammelmilch (Rohmilch)									
3 (3)	BY,HE,SH	E.COLI,VTEC	25	0					
Käse, andere									
4 (4)	NI,NW,SH, SN	E.COLI,VTEC	12	0					
Rohmilch anderer Tierarten									
1 (1)	TH	E.COLI,VTEC	21	1	4,76		±9,11	0,00–13,87	

[1] Vgl. Erläuterungen unter Methoden (cf. methods).

Fortsetzung Tab. 4.3.4: Lebensmittel-Anlassproben 2016 – E. COLI (STEC/VTEC)[1]

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abweichung	Konfidenzintervall (%)	Anmerk.
*)	Länder								
Rohmilch-Weichkäse aus Ziegenmilch									
1 (1)	TH	E.COLI,VTEC	3	3	100		±0,00		
Fertiggerichte									
2 (3)	NW,ST	E.COLI,VTEC	52	0					1),3)
Anderes Frischgemüse zum Rohverzehr									
2 (2)	HE,TH	E.COLI,VTEC	15	0					
Sprossgemüse									
2 (2)	BY,HE	E.COLI,VTEC	24	0					
Frischgemüse ausgenommen Rhabarber									
2 (3)	NW,ST	E.COLI,VTEC	10	0					1),3)
Frischobst einschließlich Rhabarber									
3 (3)	NI,NW,ST	E.COLI,VTEC	10	0					3)
Pflanzliche Lebensmittel, sonst									
4 (4)	BY,HH,NW,SH	E.COLI,VTEC	12	0					1)
Lebensmittel, sonst									
3 (3)	HH,NI,SH	E.COLI,VTEC	86	10	11,63		±6,78	4,85–18,40	
		*STX*1	..	6	6,98	60	±5,38	1,59–12,36	
		STEC/VTEC + EAE	..	4	4,65	40	±4,45	0,20–9,10	
Nahrungsergänzungsmittel									
1 (1)	BY	E.COLI,VTEC	23	3	13,04		±13,76	0,00–26,81	
		ONT:H45	..	1	4,35		±8,33	0,00–12,68	
		O145	..	1	4,35		±8,33	0,00–12,68	5)
Tupferproben in Lebensmittel-Betrieben									
3 (3)	BY,NW,TH	E.COLI,VTEC	83	2	2,41		±3,30	0,00–5,71	1)
		ONT	..	2	2,41		±3,30	0,00–5,71	

Anmerkungen

1) NW: Sequenzen zum Nachweis von *Salmonella enterica*
2) SH: Mischkultur
3) ST: Probenvorbereitung g
4) BY: Die positive Anlassprobe wurde wegen eines EHEC/HUS-Ausbruchs mit drei betroffenen Personen, davon zwei Kinder und ein Kleinkind, nach Rohmilchkonsum genommen.
5) BY: E.COLI,VTEC O145:H31

[1] Vgl. Erläuterungen unter Methoden (cf. methods).

Tab. 4.3.5 a): Tiere 2016 – E. COLI (STEC/VTEC) (Herden/Gehöfte)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden/ Gehöfte untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
*)	Länder						
Rinder, gesamt							
3 (3)	HE,RP,ST	E.COLI,VTEC	222	3	1,35		1),2)
Kälber							
2 21)	RP,ST	E.COLI,VTEC	169	1	0,59		
Milchrinder							
1 (1)	ST	E.COLI,VTEC	2	1	50,00		
Schweine							
4 (4)	ST,BW,HE,RP	E.COLI,VTEC	63	16	25,40		3)
Schafe							
4 (4)	ST,HE,MV,RP	E.COLI,VTEC	31	3	9,68		
		O26	..	1	3,23		
Ziegen							
2 (2)	HE,TH	E.COLI,VTEC	7	2	28,57		4)
Pferde							
1 (1)	ST	E.COLI,VTEC	3	1	33,33		

Anmerkungen

1) RP: Agglutinationsteste
2) RP: Agglutinationsteste, ggf. mit anschließendem VT1/2/*eae*-Gennachweis
3) BW: §64 LFGB-Unterarbeitsgruppe EHEC-PCR „2011“
4) TH: nicht serotypisiert

Tab. 4.3.5 b): Tiere 2016 – *E. COLI* (STEC/VTEC) (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	Anmer-kungen
*)	Länder						
Rinder, gesamt							
4 (4)	HE,RP,SH,ST	E.COLI,VTEC	410	18	4,39		
Kälber							
2 (2)	RP,ST	E.COLI,VTEC	237	12	5,06		
Milchrinder							
1 (1)	ST	E.COLI,VTEC	4	1	25,00		
Schweine							
7 (7)	BW,HE,NW,RP,SH,	E.COLI,VTEC	407	64	15,72		1),2),3)
	SN,ST	O157	..	1	0,25		
Schafe							
4 (4)	HE,MV,RP,ST	E.COLI,VTEC	84	4	4,76		
		O26	..	2	2,38		
Ziegen							
2 (2)	HE,TH	E.COLI,VTEC	130	25	19,23		4)
Pferde							
1 (1)	ST	E.COLI,VTEC	6	1	16,67		
Hund							
3 (3)	HE,SH,ST	E.COLI,VTEC	66	0			
Katze							
1 (1)	ST	E.COLI,VTEC	42	0			
Wildschweine							
1 (1)	MV	E.COLI,VTEC	29	1	3,45		
Wildschweine freilebend							
1 (1)	NI	E.COLI,VTEC	252	8	3,17		5)
Tiere, sonst							
11 (12)	BB,BE,BW,BY,HE,NI, NW,RP,SH,SN,ST	E.COLI,VTEC	344	70	20,35		1),9), 10)–13)
		E.COLI,VTEC + EAE	..	2	0,58	28,57	
		E.COLI,ESBL	..	1	0,29	14,29	
		E.COLI,STX2	..	1	0,29	14,29	
		E.COLI,VTEC O27:(H30)	..	1	0,29	14,29	11),12)
		E.COLI,VTEC O139:(H56)	..	1	0,29	14,29	11),12)
		E.COLI,VTEC O187:(H28)	..	1	0,29	14,29	

Anmerkungen

1) BW,BB,BE: ZoMo 2016 WI-9
2) BW: §64 LFGB-Unterarbeitsgruppe EHEC-PCR „2011“
3) NW: PCR: stx1, stx2 von *E. coli*-Isolaten
4) TH: nicht serotypisiert
5) NI: AVV-Zoonose Projekt Wildschwein WI9
6) ST: AVV Zoonosen Programm WI9
7) ST: Wildschweine
8) ST: Direktausstrich STEC-Chromogenagar
9) BY: AVV-Zoonosen-Stichprobenplan
10) NW: PCR: stx1, stx2 von *E. coli*-Isolaten
11) SH: ZSP 2016 WI 9
12) SH: 1 xMischkultur von O139:(H56) und O187:(H28)
13) SN: AVV-Zoonose-Monitoring
14) RP: Einzelgemelk/Rohmilch

4.4 Yersinia enterocolitica

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“, BfR, Berlin

M. Hartung

4.4.1 Einleitung

Die Zahl der Erkrankungen von Menschen an Yersiniose ist 2016 nach den Angaben des RKI im Vergleich zum Vorjahr um 0,7 % auf 2.774 gemeldete Fälle angestiegen. Die Inzidenz betrug 3,4 Erkrankungen pro 100.000 Einwohner (vgl. Abb. 4.4.1). Von den serotypisierten Erregern wurde in 75 % der Stämme der Serotyp O:3 bestimmt, gefolgt von O:9 (10 %), O:5,27 (2 %) und O:8 (1 %). Es wurde ein Todesfall in Verbindung mit einer *Yersinia*-Infektion mitgeteilt (RKI, 2017).

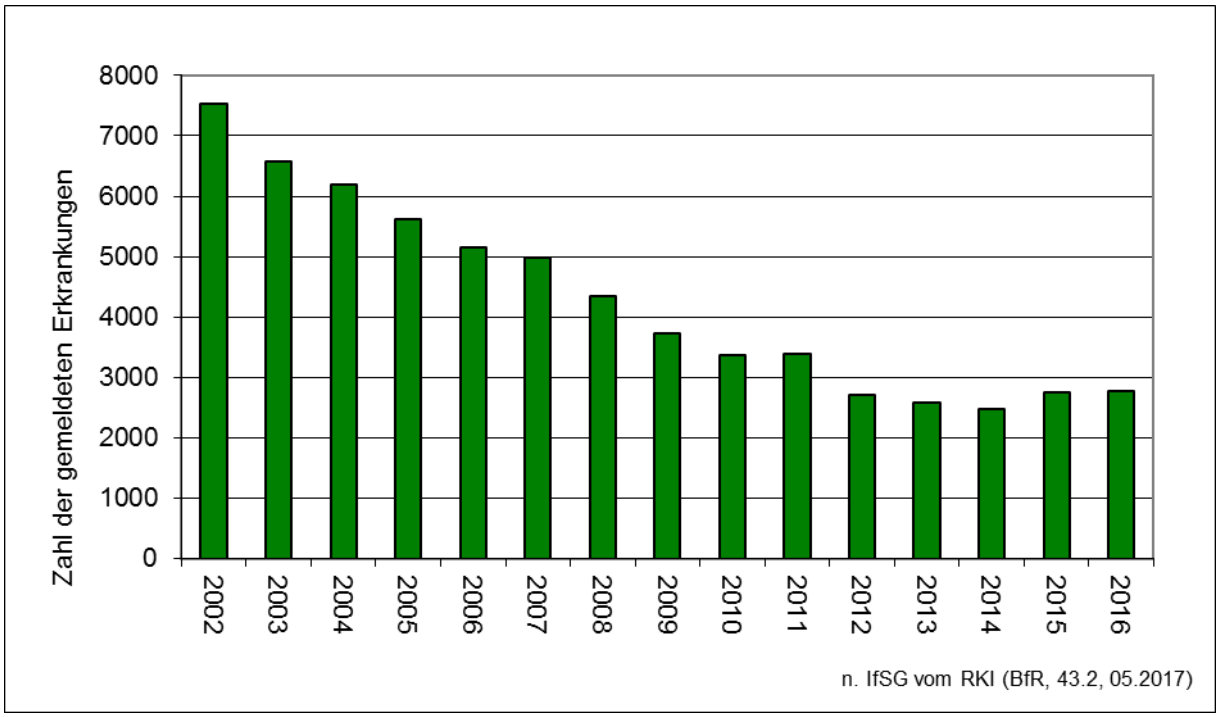

Abb. 4.4.1: *Yersinia enterocolitica* bei menschlichen Infektionen 2002–2016 (n. RKI, 2016: nach IfSG)

Die Mitteilungen der Länder über Nachweise von *Yersinia enterocolitica* für 2016 sind in Tab. 4.4.1–4.4.3 dargestellt.

4.4.2 Mitteilungen der Länder über *Yersinia enterocolitica*-Nachweise bei der Lebensmittelüberwachung in Deutschland

Wie in den Vorjahren wurden auch 2016 nur relativ wenige **Lebensmittel**-Planproben auf das Vorkommen von *Y. enterocolitica* untersucht, jedoch wurden Nachweise von *Y. enterocolitica* aus einer Reihe von unterschiedlichen Lebensmitteln mitgeteilt (Tab. 4.4.2). Dabei wurden in der Regel nur wenige Angaben zu Sero- und Biotypen gemacht.

Nachweise gelangen vor allem aus Schweinefleisch sowie aus Hackfleisch, das aus Schweinefleisch hergestellt war. In 30,1 % der Planproben von Schweinefleisch wurde *Y. enterocolitica* festgestellt (2015: 10,5 %; Abb. 4.4.2), wobei einmal die Serogruppe O:5 und Biotyp 1 A

berichtet wurde. Aus 11,7 % der Hackfleischproben wurde *Y. enterocolitica* isoliert (2015: 4,3 %; Abb. 4.4.2). In Hackfleisch aus Schweinefleisch wurde *Y. enterocolitica* in 13,5 % der Proben nachgewiesen (2015: 4,9 %). In Hackfleischzubereitungen wurde in 5,2 % der Proben *Y. enterocolitica* isoliert als im Vorjahr (2015: 12,1 %). In anders stabilisierten Fleischerzeugnissen konnte *Y. enterocolitica* vom Serotyp O:5 und Biotyp 1A festgestellt werden (2015: negativ). Der Serotyp O:5 von *Y. enterocolitica* wurde auch in Rohmilch von anderen Tierarten als Rind gefunden. In Sammelmilch wurde *Y. enterocolitica* in 3,5 % der Proben nachgewiesen, wobei die Serotypen O:3, O:5 und O:8 gefunden wurden.

In Abb. 4.4.3 ist die wöchentliche Verteilung der Nachweise von *Y. enterocolitica* aus Hackfleischzubereitungen dargestellt. Die Darstellung umfasst Daten von sieben Ländern, die Einzeldaten übermittelten. Die positiven *Y. enterocolitica*-Nachweise zeigen eine Verteilung, die mit den Humanerkrankungen durch EHEC zu 20 % korreliert ist. Im Frühjahr und Sommer wurden Erkrankungen bei Menschen verzeichnet, jedoch keine Nachweise von *Y. enterocolitica* in Lebensmitteln berichtet. Die Nachweise in Lebensmitteln gelangen hauptsächlich im zeitigen Frühjahr und im Herbst.

Die Ergebnisse der Untersuchungen von Anlassproben sind in Tab. 4.4.2 dargestellt.

4.4.3 Mitteilungen der Länder über *Yersinia enterocolitica*-Nachweise bei Untersuchungen bei Tieren in Deutschland

Y. enterocolitica wurde auch 2016 überwiegend bei Rindern und Schweinen nachgewiesen, aber auch bei anderen Tieren (Tab. 4.4.3).

Untersuchungen bei Rindern ergaben bei 1,1 % der untersuchten Herden (2015: 1,9 %) und in 0,1 % der Einzeltieruntersuchungen einen Nachweis von *Y. enterocolitica* (2015: 1,6 %).

Untersuchungen von Schweinen wurden von neun Ländern gemeldet. Hierbei wurde in 1,1 % der untersuchten Herden *Y. enterocolitica* nachgewiesen (2015: 5,7 %). Bei Einzeltierproben von Schweinen ging die Nachweisrate von *Y. enterocolitica* im Vergleich zum Vorjahr auf 0,7 % zurück (2015: 3,8 %). Dabei wurden in 0,1 % der Proben *Y. enterocolitica* O:3 festgestellt. Bei Pferden wurde der Serotyp O:9 isoliert. Bei Hunden wurde *Y. enterocolitica* in 1,0 % der untersuchten Tiere (2015: 1,3 %) gefunden, wobei O:3 und O:5 isoliert wurden.

4.4.4 Übergreifende Betrachtung

Im Vergleich zu den Vorjahren wurden höhere Nachweisraten für *Y. enterocolitica* in Lebensmitteln mitgeteilt. Bei Hackfleisch wurde *Y. enterocolitica* in über 10 % der Proben nachgewiesen. Auch bei Schweinen wurde *Y. enterocolitica* nachgewiesen.

Die beim Menschen 2016 vorkommenden Serogruppen sind der Häufigkeit nach O:3, O:9, O:5, O:8.

O:3 wurde in Sammelmilch sowie bei Schweinen und Hunden nachgewiesen, O:9 wurde von Pferden und Hunden berichtet und es wurde O:5 bei Schweinefleisch und Erzeugnissen daraus sowie bei Sammelmilch und Rohmilch (nicht vom Rind) nachgewiesen. Die Exposition des Verbrauchers mit *Y. enterocolitica* ergab sich somit über direkten Tierkontakt und über Lebensmittel. *Yersinia enterocolitica* ist fähig, bei Kühlschranktemperaturen zu wachsen, und kann sich somit auch im Haushalt in geöffnet aufbewahrten Lebensmitteln vermehren.

4.4.5 Literatur

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

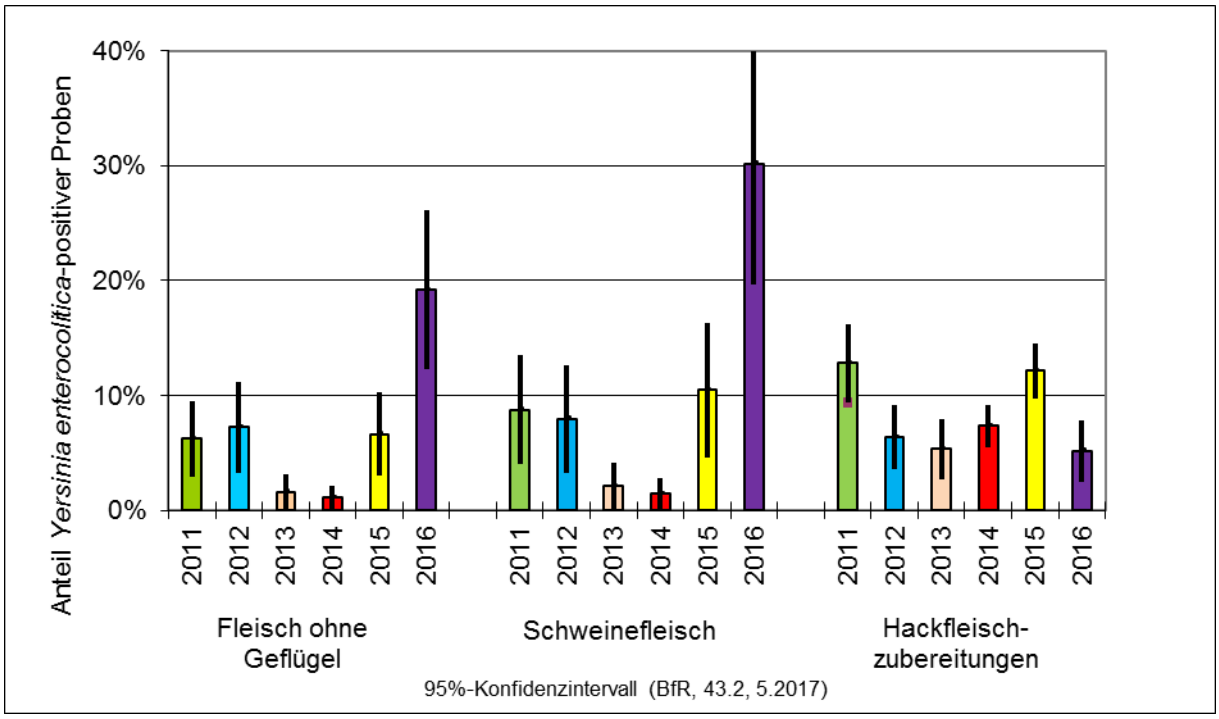

Abb. 4.4.2: *Y. enterocolitica* in ausgewählten Lebensmittel-Planproben 2011–2016

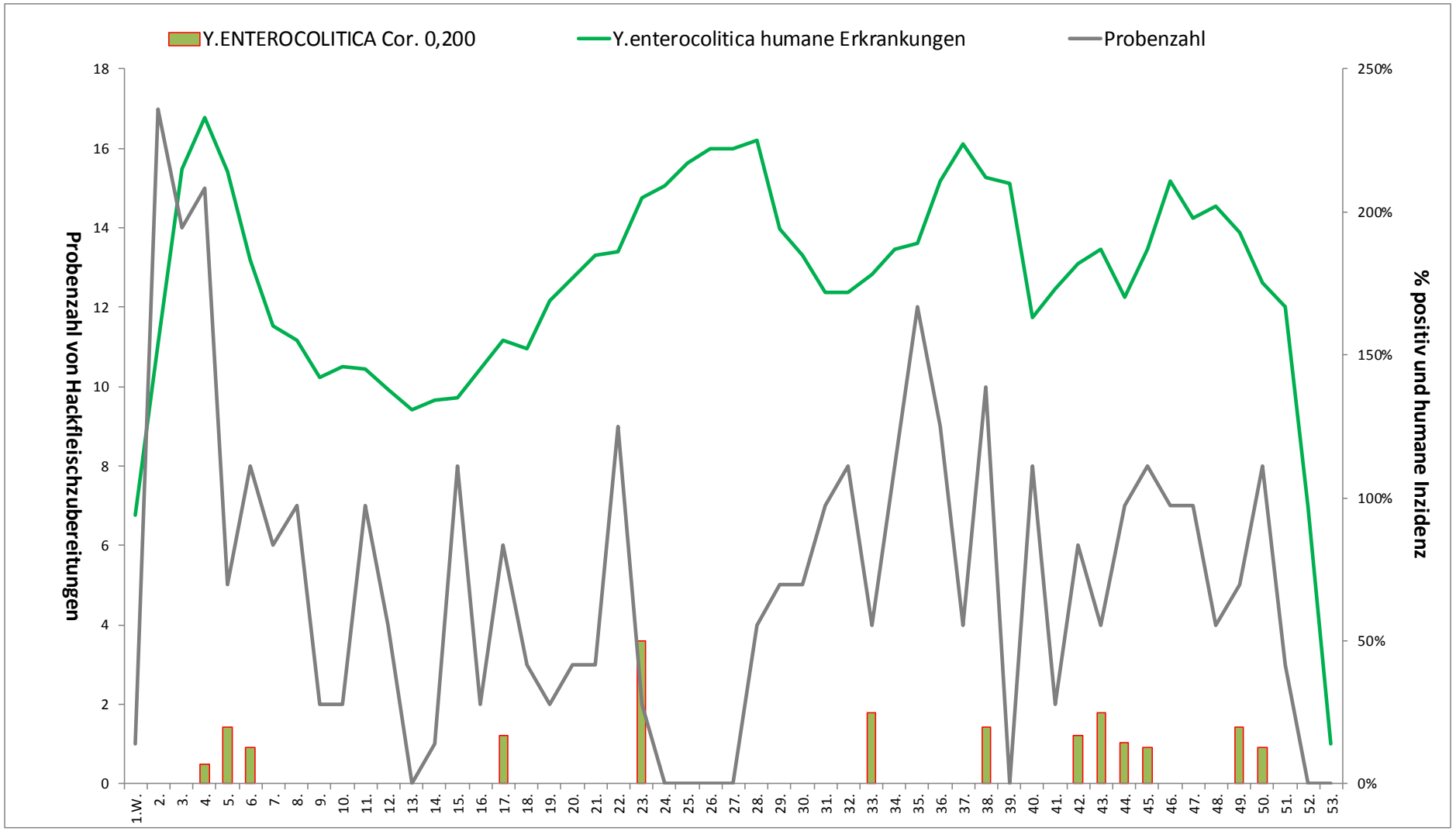

Abb. 4.4.3: *Y. enterocolitica* in Hackfleischzubereitungen von 7 Ländern 2016 – wöchentlicher Verlauf korreliert im Vergleich zu zeitgleichen menschlichen Erkrankungen (RKI, 2017)

Tab. 4.4.1: Lebensmittel-Planproben 2016 – *Y. ENTEROCOLITICA*[1]

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%		Abwei-	Konfidenz-	An-
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	merk.
Fleisch ohne Geflügel, gesamt									
7 (8)	BY,BW,SN,	Y.ENTEROCOLITICA	125	24	19,20		±6,90	12,30–26,10	2)
	NI,ST,BB,	Y.E. Biotyp 1A	..	1	0,80		±1,56	0,00–2,36	1)
	RP	Y.E. O:5	..	1	0,80		±1,56	0,00–2,36	
Rindfleisch									
1 (1)	RP	Y.ENTEROCOLITICA	15	0					
Schweinefleisch									
7 (7)	BW,BY,SN,	Y.ENTEROCOLITICA	73	22	30,14		±10,53	19,61–40,66	2)
	NI,ST,BB,	Y.E. Biotyp 1A	..	1	1,37		±2,67	0,00–4,04	
	RP	Y.E. O:5	..	1	1,37		±2,67	0,00–4,04	
Fleisch v. Wildschwein									
1 (2)	NI	Y.ENTEROCOLITICA	14	2	14,29		±18,33	0,00–32,62	
Wildfleisch, sonst									
1 (2)	BY	Y.ENTEROCOLITICA	16	0					
Fleischteilstücke, roh, küchenmäßig vorbereitet									
1 (1)	RP	Y.ENTEROCOLITICA	2	1	50,00		±69,30		
aus Schweinefleisch									
1 (1)	RP	Y.ENTEROCOLITICA	2	1	50,00		±69,30		
Hackfleisch									
6 (8)	SN,NI,NW, SL,ST,RP	Y.ENTEROCOLITICA	154	18	11,69		±5,07	6,61–16,76	2)
gemischt (Rind/Schwein)									
2 (2)	NI,RP	Y.ENTEROCOLITICA	20	2	10,00		±13,15	0,00–23,15	
aus Schweinefleisch									
5 (7)	SN,NI,SL, ST,RP	Y.ENTEROCOLITICA	119	16	13,45		±6,13	7,32–19,57	2)
Hackfleischzubereitungen									
5 (6)	NI,NW,SL, ST,RP	Y.ENTEROCOLITICA	272	14	5,15		±2,63	2,52–7,77	2)
Anders stabilisierte Fleischerzeugnisse									
6 (8)	BY,NI,NW,	Y.ENTEROCOLITICA	69	1	1,45		±2,82	0,00–4,27	2)
	RP,SN,ST	Y.E. O:5	..	1	1,45		±2,82	0,00–4,27	
		Y.E. Biotyp 1A	..	1	1,45		±2,82	0,00–4,27	
aus Schweinefleisch									
2 (2)	BY,SN	Y.ENTEROCOLITICA	2	1	50,00		±69,30		
		Y.E. O:5	..	1	50,00		±69,30		
		Y.E. Biotyp 1A	..	1	50,00		±69,30		
		Mehrfachisolate (add.isol.)							
Vorzugsmilch									
3 (3)	BY,SH,MV	Y.ENTEROCOLITICA	26	0					
Rohmilch ab Hof									
1 (1)	MV	Y.ENTEROCOLITICA	14	1	7,14		±13,49	0,00–20,63	
Sammelmilch (Rohmilch)									
3 (3)	BY,SH,MV	Y.ENTEROCOLITICA	29	1	3,45		±6,64	0,00–10,09	3)
		Y.E. O:3	..	1	3,45		±6,64	0,00–10,09	3)
		Y.E. O:5	..	1	3,45		±6,64	0,00–10,09	3)
		Y.E. O:8	..	1	3,45		±6,64	0,00–10,09	3)
		Mehrfachisolate (add.isol.)							
Rohmilch anderer Tierarten									
2 (2)	SH,MV	Y.ENTEROCOLITICA	22	3	13,64		±14,34	0,00–27,98	4)
		Y.E. O:5	..	1	4,55		±8,70	0,00–13,25	

[1] Vgl. Erläuterungen unter Methoden (cf. methods).

Fortsetzung Tab. 4.4.1: Lebensmittel-Planproben 2016 – *Y. ENTEROCOLITICA*

Quelle *)	Länder	Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%		Abweichung	Konfidenzintervall (%)	Anmerk.
Feinkostsalate – fleischhaltig									
1 (2)	SL	Y.ENTEROCOLITICA	18	0					
Feinkostsalate – fischhaltig									
1 (2)	SL	Y.ENTEROCOLITICA	12	0					
Anderes Frischgemüse zum. Rohverzehr									
1 (1)	BY	Y.ENTEROCOLITICA	84	0					
Sprossgemüse									
1 (1)	BY	Y.ENTEROCOLITICA	11	0					

Anmerkungen
1) BW: Biotyp 1A
2) ST,BB: spezielle Probenvorbereitung
3) MV: *Yers. enterocolitica* O3,O5,O8 in einer Probe
4) MV: *Yers. enterocolitica* O3,O5,O8,O9 nicht nachweisbar

Tab. 4.4.2: Lebensmittel-Anlassproben 2016 – *Y. ENTEROCOLITICA*

Quelle *)	Länder	Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%		Abweichung	Konfidenzintervall (%)	Anmerk.
Fleisch ohne Geflügel, gesamt									
2 (2)	BY,SN	Y.ENTEROCOLITICA	5	1	20,00		±35,06	0,00–55,06	
Schweinefleisch									
2 (2)	BY,SN	Y.ENTEROCOLITICA	5	1	20,00		±35,06	0,00–55,06	
Hackfleisch									
1 (1)	ST	Y.ENTEROCOLITICA	3	0					1)
Hackfleischzubereitungen									
1 (1)	ST	Y.ENTEROCOLITICA	2	0					1)
Fische, Meerestiere und Erzeugnisse, gesamt									
2 (2)	NW,SH	Y.ENTEROCOLITICA	2	0					
Sammelmilch (Rohmilch)									
1 (1)	SH	Y.ENTEROCOLITICA	6	0					
Käse, andere									
1 (1)	SH	Y.ENTEROCOLITICA	1	0					
Speiseeis									
2 (3)	NI,NW	Y.ENTEROCOLITICA	7	1	14,29		±25,92	0,00–40,21	
Fertiggerichte									
1 (1)	NW	Y.ENTEROCOLITICA	5	0					

Anmerkungen
1) ST: spezielle Probenvorbeitung

Tab. 4.4.3 a): Tiere 2016 – *Y. ENTEROCOLITICA* (Herden/Gehöfte)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden /Gehöfte untersucht	Pos.	%	%r	Anmer-kungen
*)	Länder						
Legehennen							
1 (1)	ST	Y.ENTEROCOLITICA	10	0			
Legephase							
1 (1)	ST	Y.ENTEROCOLITICA	4	0			
Masthähnchen							
1 (1)	ST	Y.ENTEROCOLITICA	2	0			
Puten/Truthühner							
1 (1)	ST	Y.ENTEROCOLITICA	8	0			
Rinder, gesamt							
5 (4)	ST,TH,HE,MV, RP	Y.ENTEROCOLITICA	175	2	1,14		
Kälber							
3 (3)	ST,MV,RP	Y.ENTEROCOLITICA	94	0			
Milchrinder							
2 (2)	ST,MV	Y.ENTEROCOLITICA	69	2	2,90		
Schweine							
6 (6)	ST,TH,BW,HE, MV,RP	Y.ENTEROCOLITICA	89	1	1,12		
Schafe							
8 (8)	ST,TH,BW,HE, MV,NI,NW,RP	Y.ENTEROCOLITICA	64	3	4,69		1)
Ziegen							
6 (6)	ST,TH,BW,HE, MV,RP	Y.ENTEROCOLITICA	24	0			
Pferde							
3 (3)	ST,TH,MV	Y.ENTEROCOLITICA	34	1	2,94		
		Y.ENTEROCOLITICA O:9	..	1	2,94		

Anmerkungen
1) NW: Sektionsbefunde

Tab. 4.4.3 b): Tiere 2016 – *Y. ENTEROCOLITICA* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
*)	Länder						
Hühner, n. spez.							
1 (1)	SN	Y.ENTEROCOLITICA	1574	0			
Legehennen							
3 (3)	ST,HH,SH	Y.ENTEROCOLITICA	42	0			
Legephase							
1 (1)	ST	Y.ENTEROCOLITICA	7	0			
Masthähnchen							
1 (1)	ST	Y.ENTEROCOLITICA	10	0			
Aufzucht							
1 (1)	ST	Y.ENTEROCOLITICA	10	0			
Puten/Truthühner							
3 (3)	ST,SH,SN	Y.ENTEROCOLITICA	266	0			
Puten/Truthühner – Mast							
1 (1)	ST	Y.ENTEROCOLITICA	41	0			
Nutzgeflügel, sonst							
4 (4)	ST,HH,SH,SN	Y.ENTEROCOLITICA	332	0			
Rinder, gesamt							
7 (7)	ST,TH,HE,MV,RP, SH,SN	Y.ENTEROCOLITICA	3964	5	0,13		
Kälber							
5 ()	ST,HH,MV,RP,SN	Y.ENTEROCOLITICA	1108	0			
Milchrinder							
2 ()	ST,MV	Y.ENTEROCOLITICA	181	5	2,76		
Schweine							
9 (9)	ST,TH,BW,HE,MV,	Y.ENTEROCOLITICA	1639	11	0,67		
	NW,RP,SH,SN	Y.E. O:3	..	1	0,06		
Schafe							
10 (10)	ST,TH,BW,HE,MV, NI,NW,RP,SH,SN	Y.ENTEROCOLITICA	388	5	1,29		1)
Ziegen							
8 (8)	ST,TH,BW,HE,HH, MV,RP,SN	Y.ENTEROCOLITICA	138	2	1,45		
Pferde							
4 (4)	ST,TH,MV,SN	Y.ENTEROCOLITICA	2379	3	0,13		
		Y.E. O:9	..	1	0,04		
Hund							
9 (9)	ST,TH,BW,HE,HH,	Y.ENTEROCOLITICA	2315	22	0,95		
	MV,NW,SH,SN	Y.E. O:3	..	8	0,35	72,73	
		Y.E. O:9	..	3	0,13	27,27	
Katze							
6 (6)	ST,TH,HH,NW,SH,	Y.ENTEROCOLITICA	1287	1	0,08		
	SN	Y.E. O:3	..	1	0,08		
Wildtiere, sonst							
1 (1)	NI	Y.ENTEROCOLITICA	155	0			
Tiere, sonst							
11 (14)	ST,TH,BW,BY,HE,	Y.ENTEROCOLITICA	2917	31	1,06		1),2),3),4)
	HH,MV,NW,RP, SH,SN	Y.E. O:3	..	1	0,03		

Anmerkungen

1) NW: Sektionsbefunde
2) BY: Feldhasen, hier ausschließlich *Yersinia pseudotuberculosis* isoliert
3) NW: 3 Feldhasen, 1 Wildkaninchen
4) RP: 11 Wildtiere, 1 Känguruh

4.5 Listeria monocytogenes

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“, BfR, Berlin sowie dem NRL für *Listeria monocytogenes*

A. Käsbohrer, M. Hartung, S. Kleta, B.-A. Tenhagen

4.5.1 Einleitung

Die Zahl der menschlichen Infektionen mit *L. monocytogenes* stieg 2016 um 7 % auf 707 gemeldete Erkrankungen an. Die Inzidenz betrug 0,9 Erkrankungen je 100.000 Einwohner (Abb. 4.5.1). Von den 255 serotypisierten Stämmen von *L. monocytogenes* aus den Erkrankungsfällen des Menschen wurden in 125 Fällen *L. monocytogenes* 4b, in 93 Fällen *L. monocytogenes* 1/2a sowie in 37 Fällen *L. monocytogenes* 1/2b isoliert. Es wurden 48 Todesfälle mitgeteilt, darunter waren 45 nicht schwangerschaftsassoziierte Listeriosen und drei Neugeborenen-Listeriosen (RKI, 2017).

Die besondere Bedeutung von *L. monocytogenes* beruht weniger auf der Häufigkeit als auf der Schwere der Krankheitsfälle. In einigen Fällen kommt es zu klinischen Erkrankungen mit Fieber und in anderen Fällen zur Sepsis oder Meningitis/Enzephalitis. Die Letalität betrug 2016 7 %. Bei vierFrauen kam es zur Frühgeburt, Fehlgeburt (2 x) oder Totgeburt (9 x). Ein lebensmittelbedingter Ausbruch konnte aufgrund eines identischen Sequenztyps (whole genome sequencing) auf Fleischerzeugnisse aus einem Betrieb zurückgeführt werden. Die für 2016 festgestellte Inzidenz war die höchste seit 2001 (RKI, 2017).

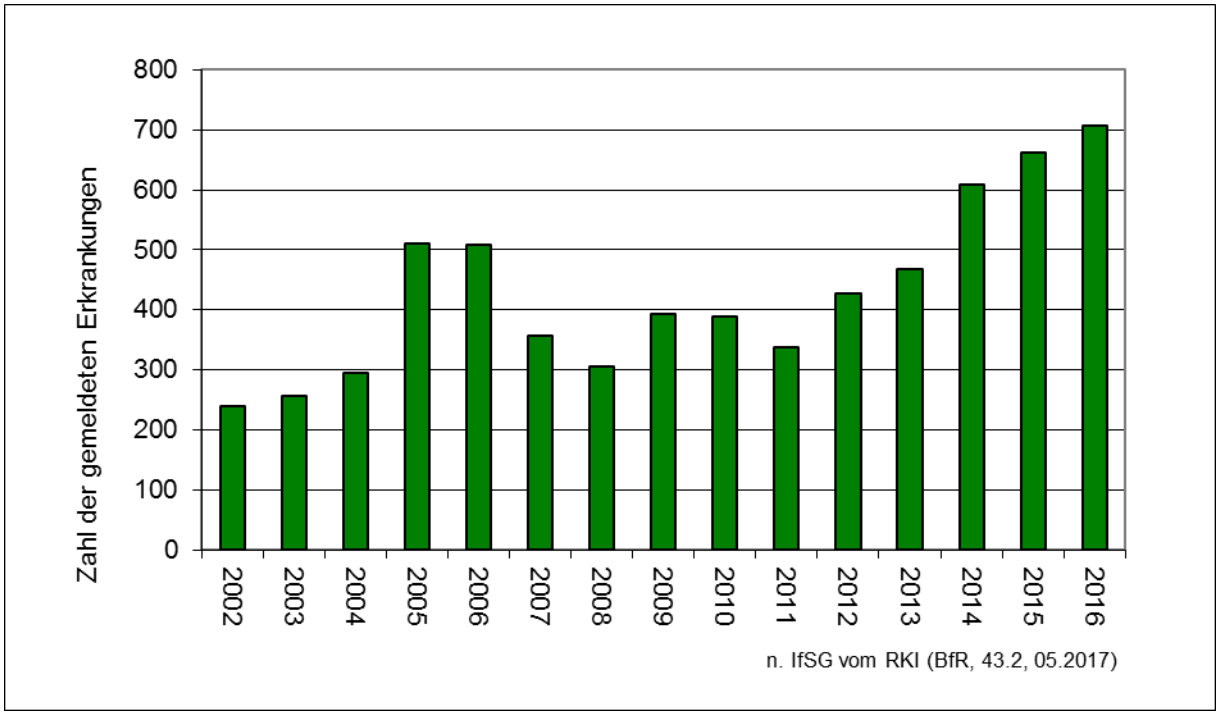

Abb. 4.5.1: Vorkommen von Infektionen mit *L. monocytogenes* beim Menschen 2002–2016 (n. RKI, 2017: nach IfSG)

Mit Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 wurden insbesondere für verzehrsfertige Lebensmittel Lebensmittelsicherheitskriterien mit einem Grenzwert für die zulässige Keimzahl von *L. monocytogenes* festgelegt. Daher werden Untersuchungen auf *L. monocytogenes* in Lebensmitteln auch quantitativ ausgeführt. Nach Anhang 1 dieser Verordnung werden Proben der meisten Lebensmittel als positiv gewertet, die Keimzahlen über 10^2 KbE/g aufweisen.
Gegenüber der Darstellung der Typisierung für die Humanmedizin wird bei Lebensmitteluntersuchungen die molekulare Serogruppierung verwendet (IVb, IIa, IIb).

4.5.2 Listeria monocytogenes in Lebensmitteln

4.5.2.1 Untersuchungen in Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016

Insgesamt wurden 799 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von *L. monocytogenes* einbezogen. In keiner der untersuchten Proben von Tomaten (Tab. 4.5.1) aus dem Einzelhandel wurden *L. monocytogenes* nachgewiesen. 1,8 % der qualitativ untersuchten Proben von Sprossen waren positiv für *L. monocytogenes*. Mittels der quantitativen Methode wurden allerdings keine *L. monocytogenes* in den Sprossen nachgewiesen (Tab. 4.5.2).

Tab. 4.5.1: Prävalenz von *L. monocytogenes* in Proben von Tomaten und Sprossen im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen)

Matrix	untersuchte Proben (N)	*L. monocytogenes*-positive Proben (n	95% Konfidenzintervall
Tomaten (Cocktail/Cherry)	478	0	0,0 (0,0–1,0)
Sprossen (frisch)	271	5	1,8 (0,7–4,4)

Tab. 4.5.2: Quantitative Bestimmung von *L. monocytogenes* in Proben von von Sprossen im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen und Großmarkt)

Matrix	Proben (N) mit quantitativer Bestimmung	Anzahl und Anteil (in %) Proben mit *Listeria monocytogenes*-Nachweis oberhalb von 10 KbE/g
Sprossen (frisch)	321	0 (0,0)

4.5.2.2 Mitteilungen der Länder über *Listeria monocytogenes*-Nachweise bei der Lebensmittelüberwachung in Deutschland

Die Mitteilungen der Länder über die Nachweise von *L. monocytogenes* in Lebensmitteln sind in Tab. 4.5.3–4.5.6 für 2016 dargestellt. *L. monocytogenes* wurde wie in den Vorjahren mit einem qualitativen und/oder einem quantitativen Nachweisverfahren untersucht. *L. monocytogenes* wurde in einer Vielzahl von Lebensmittel-Kategorien nachgewiesen.

Qualitative Untersuchungen

Rohes Fleisch ohne Geflügel, Geflügelfleisch sowie Zubereitungen hiervon wiesen teilweise erhebliche Kontaminationsraten mit *L. monocytogenes* bei qualitativen Untersuchungen von Planproben auf (Tab. 4.5.3, Abb. 4.5.2). Die berichteten Nachweisraten zeigen das folgende Bild: Fleisch ohne Geflügel erwies sich in 12,3 % der untersuchten Proben als positiv (2015: 8,3 %), Hackfleischzubereitungen sogar zu 19,0 % (2015: 20,7 %). Stabilisierte Fleischerzeugnisse wiesen eine Nachweisrate von 10,3 % auf (2015: 14,3 %). In hitzebehandelten Fleischerzeugnissen wurde der Erreger nur aus 1,0 % der untersuchten Proben (2015: 2,8 %) isoliert.

In Fischen, Meerestieren und Erzeugnissen hiervon wurde mit 8,6 % (2015: 6,1 %) eine im Vergleich zum Vorjahr leicht erhöhte Nachweisrate gefunden. Heiß geräucherte Fischerzeugnisse wiesen mit 9,0 % (2015: 4,3 %) ebenfalls eine Zunahme der Belastungen auf. Auch anders haltbar gemachte Fischerzeugnisse wiesen mit 10,3 % positiven Proben eine gegenüber dem Vorjahr leicht erhöhte Nachweisrate auf (2015: 7,9 %). Das galt auch für kalt geräucherte oder gebeizte Fischerzeugnisse (13,5 %, 2015: 7,0 %).

Auch aus Milch und Milchprodukten wurden *L. monocytogenes*-Nachweise berichtet. So konnte aus Vorzugsmilch in 5,1 % der Proben (2015: 7,1 %) *L. monocytogenes* isoliert werden. Weichkäse aus behandelter Milch wies in 0,7 % der Proben *L. monocytogenes* auf (2015: 1,0 %). Rohmilch-Weichkäse war zu 0,4 % positiv wie im Vorjahr. Andere Käsesorten (Hartkäse) wiesen in 0,5 % (2015: 0,4 %) der Proben eine Kontamination mit *L. monocytogenes* auf.

Die beim Menschen beschriebenen Serotypen von *L. monocytogenes* 1/2a und 1/2c wurden in verschiedenen Lebensmitteln festgestellt. Der Serotyp IIa (1/2a) wurde bei hitzebehandelten Fleischerzeugnissen und bei pflanzlichen Lebensmitteln gefunden. Serotyp IIc (1/2c) wurde aus Fischen, Meerestieren und Erzeugnissen und kalt geräuchertem oder gebeiztem Fisch isoliert (vgl. Tab. 4.5.3).

Quantitative Untersuchungen

Mit Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 wurden für ausgewählte, insbesondere verzehrsfertige Lebensmittel Lebensmittelsicherheitskriterien mit einem Grenzwert für die zulässige Keimzahl festgelegt. Daher werden Untersuchungen auf *L. monocytogenes* in diesen Lebensmitteln auch quantitativ ausgeführt. Nach Anhang 1 dieser Verordnung werden Proben als positiv gewertet, die Keimzahlen über 10^2 KbE/g aufweisen. In Tab. 4.5.5 sowie Abb. 4.5.3 wurden die Ergebnisse der quantitativen Untersuchungen als positiver Anteil der untersuchten Planproben angegeben. Die positiven Ergebnisse wurden hierfür auf der Grundlage der ermittelten Keimzahlen in vier Klassen eingeteilt: positiv < 10^2 KbE/g, > 10^2–10^3 KbE/g, > 10^3–10^4 KbE/g und > 10^4 KbE/g.

Insgesamt wurden im Vergleich zu den qualitativen Untersuchungen mit dem quantitativen Verfahren geringere Nachweisraten bei Planproben ermittelt (Tab. 4.5.5; Abb. 4.5.3). Keim-

zahlen über 10^4 KbE/g wurden in erhitzten Fleischerzeugnissen und in Geflügelfleischerzeugnissen nachgewiesen.

Positive Nachweise in verzehrsfertigen Lebensmitteln oberhalb des Lebensmittelsicherheitskriteriums wurden in Fleisch, Fleischerzeugnissen, Geflügelfleischerzeugnissen und in verzehrsfertigem Fisch gefunden.

Die Nachweisrate mit einer Keimzahl > 10^2 KbE/g lag bei Hackfleischzubereitungen bei 1,0 % der Proben, bei anders stabilisierten Fleischerzeugnissen bei 0,7 % der Proben, bei kalt geräucherten oder gebeizten Fischen bei 2,4 % der Proben und bei anders haltbar gemachten Fischen bei 0,8 % der Proben.

Demgegenüber wurden bei Anlassproben (Tab. 4.5.6) in Fischen, Meerestieren und Erzeugnissen sowie in Weichkäse und Ziegenkäse Keimgehalte von mehr als 10^4 KbE/g gefunden. Bei Fleischerzeugnissen, Geflügelfleischerzeugnissen, Fischen, Käse und Trink- bzw. Mineralwasser wurden Keimzahlen oberhalb des Lebensmittelsicherheitskriteriums nachgewiesen.

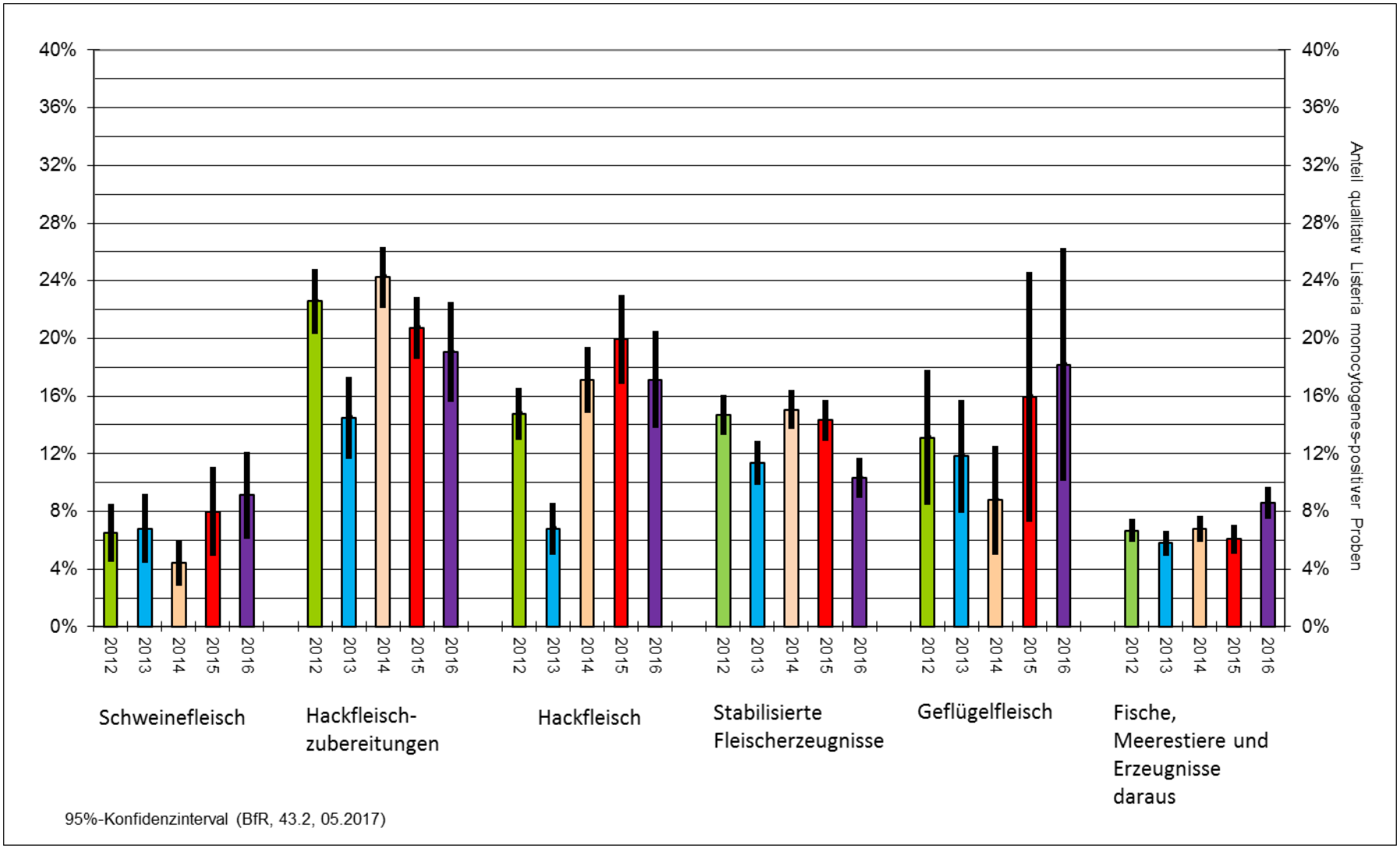

Abb. 4.5.2: Vorkommen von *L. monocytogenes* in Planproben der wichtigsten Lebensmittel-Gruppen 2012–2016

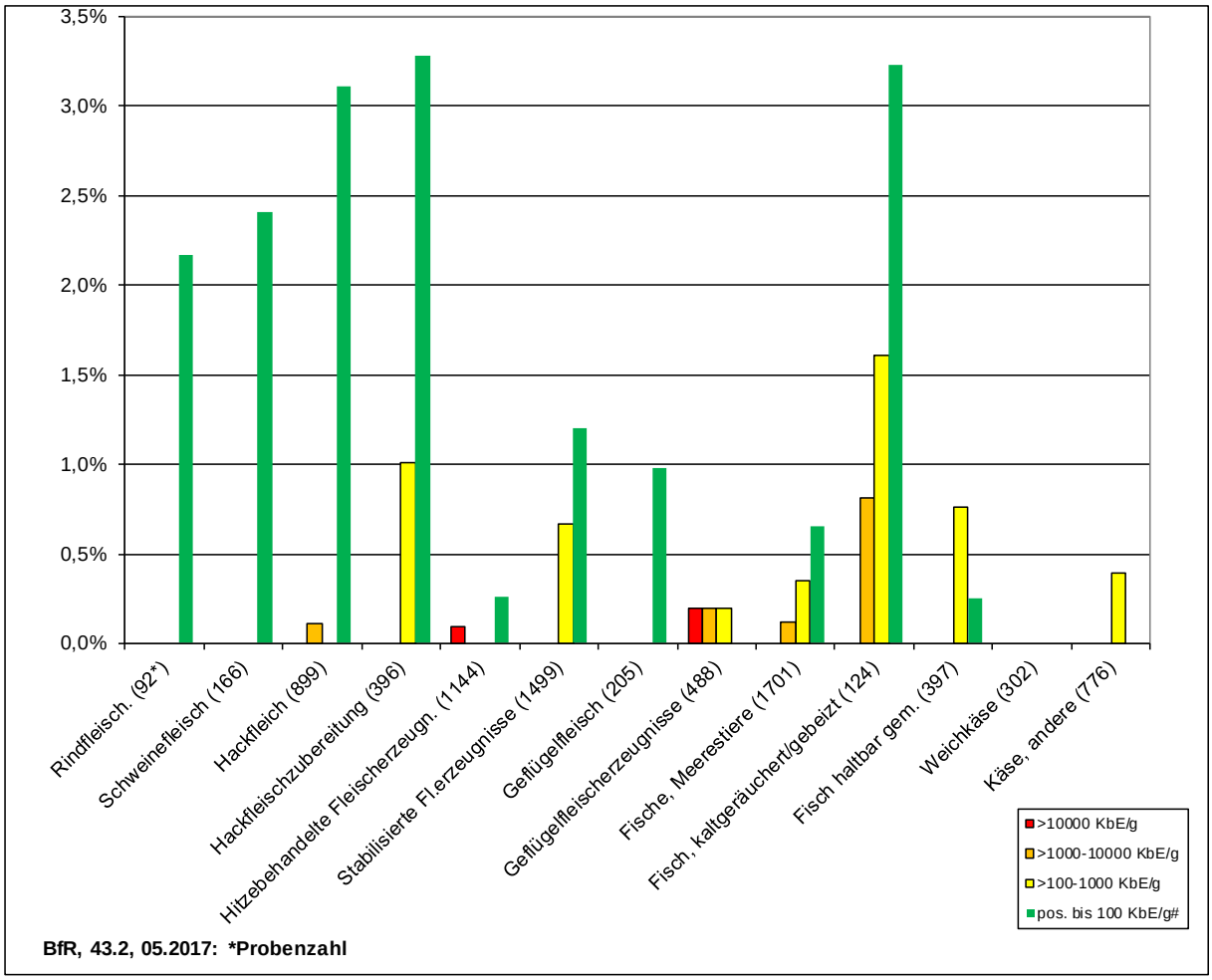

Abb. 4.5.3: Keimzahlen von *L. monocytogenes* in Lebensmittel-Planproben 2016

4.5.3 Listeria monocytogenes bei Tieren

4.5.3.1 Mitteilungen der Länder über *Listeria monocytogenes*-Nachweise bei Untersuchungen bei Tieren in Deutschland

Die Ergebnisse der Untersuchungen von Nutztieren auf *L. monocytogenes* sind in der nachfolgenden Tabelle (Tab. 4.5.7) zusammengestellt.

Bei 5,0 % der untersuchten Rinderherden (2015: 7,0 %) und 1,9 % der Einzeltiere (2015: 2,5 %) wurde *L. monocytogenes* nachgewiesen. Bei Rindern wurden verschiedene Serotypen isoliert.

Bei Schweinen wurde *L. monocytogenes* in keinem Fall nachgewiesen (2015: 0,05 %).

Bei den Schafherden wurde eine gegenüber dem Vorjahr leicht verminderte Nachweisrate von 12,3 % gefunden (2015: 15,4 %). Bei den Einzeltieruntersuchungen lag der Anteil positiver Proben ebenfalls niedriger als im Vorjahr mit 7,7 % (2015: 9,2 %).

Andere Tiere wurden nur selten untersucht (vgl. Tab. 4.5.7)

4.5.4 Übergreifende Betrachtung

Die Zahl der menschlichen Infektionen mit *L. monocytogenes* stieg 2016 um 7 % auf 707 gemeldete Erkrankungen an. Die Inzidenz betrug 0,9 Erkrankungen je 100.000 Einwohner (Abb. 4.5.1). Von den 255 serotypisierten Stämmen von *L. monocytogenes* aus Erkrankungsfällen des Menschen wurden in 125 Fällen *L. monocytogenes* 4b, in 93 Fällen *L. monocytogenes* 1/2a sowie in 37 Fällen *L. monocytogenes* 1/2b isoliert (RKI, 2017).

In einigen Fällen kam es zu klinischen Erkrankungen mit Fieber, einer Sepsis oder Meningitis/Enzephalitis. Ein lebensmittelbedingter Krankheitsausbruch konnte mithilfe der Ganzgenomsequenzierung auf Fleischerzeugnisse aus einem Herstellerbetrieb zurückgeführt werden.

Im Unterschied zur Darstellung der Typisierungsergebnisse für Isolate aus der Humanmedizin wird für Isolate aus Lebensmitteln die molekulare Serogruppierung verwendet (IVb, IIa, IIb). Im Rahmen der amtlichen Lebensmittelüberwachung wurde der Serotyp IIa bei fast allen Lebensmitteln, bei denen die Serotypen bestimmt wurden, isoliert. *L. monocytogenes* IIc wurde bei Fischen und Meerestieren nachgewiesen.

Die Ergebnisse der Überwachung von Tieren bestätigen erneut, dass regelmäßig Nachweise von *L. monocytogenes* bei Rindern geführt wurden. Bei Wiederkäuern ist *L. monocytogenes* der Erreger sporadischer Erkrankungen mit Beteiligung des Zentralnervensystems und des Urogenitaltraktes. *L. monocytogenes* wurde im Rahmen diagnostischer Untersuchungen auch von Lege-/Hühnern berichtet. Vögel werden generell als asymptomatische Träger angesehen.

Die weite Verbreitung von *L. monocytogenes* in Lebensmitteln weist auf eine häufige Exposition des Verbrauchers mit diesem Erreger über Lebensmittel hin. *L. monocytogenes* ist in der Lage, sich auch bei Kühlschranktemperaturen zu vermehren. Schwangere und in ihrer Immunabwehr stark geschwächte Personen sollten zum Schutz vor einer Listeriose verschiedene Lebensmittel wie z.B. rohe Lebensmittel tierischen Ursprungs, Milchprodukte, die aus Rohmilch oder unter Verwendung von Rohmilch hergestellt wurden sowie geräucherte oder gebeizte Fischereierzeugnisse nicht verzehren, es sei denn, sie wurden direkt vorher auf mindestens 70 °C im Inneren erhitzt (vgl. auch BfR, 2012).

4.5.5 Literatur

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

BfR (2017): Verbrauchertipps: Schutz vor lebensmittelbedingten Infektionen mit Listerien. (http://www.bfr.bund.de/cm/350/verbrauchertipps-schutz-vor-lebensmittelinfektionen-mit-listerien.pdf)

BfR (2011): Hohe Keimbelastung in Sprossen und küchenfertigen Salatmischungen. http://www.bfr.bund.de/cm/343/hohe_keimbelastung_in_sprossen_und_kuechenfertigen_salatmischungen.pdf

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

Kleta S, Hammerl JA, Dieckmann R et al. (2017): Molecular tracing to find source of protracted invasive listeriosis outbreak, Southern Germany, 2012–2016. Emerg Infect Dis 23: 1680–1683

Ojeniyi, B., H. C. Wegener, N. E. Jensen, M. Bisgaard (1996): *Listeria monocytogenes* in poultry and poultry products: epidemiological investigations in seven Danish abattoirs. J Appl Bacteriol 80 (4): 395–401

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

Tab. 4.5.3: Lebensmittel-Planproben 2016 – *L. MONOCYTOGENES*[1]

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abweichung	Konfidenzintervall (%)	Anmerk.
*)	Länder								
Fleisch ohne Geflügel, gesamt									
13 (15)	HE,BY, SH,NW,RP, BW,MV,SN, NI,SL,ST, BB,TH	L.MONOCYTOGENES	559	69	12,34		±2,73	9,62–15,07	1)–3)
Rindfleisch									
9 (11)	BY,SH,BW, MV,SN,NI, SL,ST,TH	L.MONOCYTOGENES	101	13	12,87		±6,53	6,34–19,40	1),2)
Schweinefleisch									
12 (13)	BY,SH,HE, NW,RP,BW, SN,NI,SL, ST,BB,TH	L.MONOCYTOGENES	351	32	9,12		±3,01	6,11–12,13	1)–3)
Fleisch v. Wildschwein									
1 (1)	NI	L.MONOCYTOGENES	12	6	50,00		±28,29	21,71–78,29	
Wildfleisch, sonst									
3 (3)	SH,SN,TH	L.MONOCYTOGENES	13	6	46,15		±27,10	19,05–73,25	2),3)
Fleisch, sonst									
1 (1)	HE	L.MONOCYTOGENES	64	13	20,31		±9,86	10,46–30,17	
Fleischteilstücke, roh, küchenmäßig vorbereitet									
2 (2)	NI,NW	L.MONOCYTOGENES	6	1	16,67		±29,82	0,00–46,49	
aus Schweinefleisch									
2 (2)	NI,NW	L.MONOCYTOGENES	6	1	16,67		±29,82	0,00–46,49	
Fleischerzeugnisse ohne Wurst									
2 (2)	NI,ST	L.MONOCYTOGENES	38	0					1)
Rohfleisch, zerkleinert (Stücke bis 100 g)									
6 (7)	SH,RP,SN, NI,ST,TH	L.MONOCYTOGENES	37	4	10,81		±10,01	0,81–20,82	1),2)
gemischt (Rind/Schwein)									
1 (1)	TH	L.MONOCYTOGENES	1	1	100		±0,00		2)
aus Schweinefleisch									
3 (3)	SH,SN,TH	L.MONOCYTOGENES	19	2	10,53		±13,80	0,00–24,33	2)
aus anderem Fleisch ohne Geflügel									
4 (5)	SH,SN,NI, TH	L.MONOCYTOGENES	8	1	12,50		±22,92	0,00–35,42	2)
Hackfleisch									
11 (14)	HE,BY,HH, SH,RP,MV, SN,NI,NW,S T,TH	L.MONOCYTOGENES	478	82	17,15		±3,38	13,78–20,53	1)–3)
aus Rindfleisch									
9 (11)	BY,HH,SH, MV,SN,NI, NW,ST,TH	L.MONOCYTOGENES	134	22	16,42		±6,27	10,15–22,69	1),2)
gemischt (Rind/Schwein)									
7 (8)	BY,SH,MV, SN,NW,ST, TH	L.MONOCYTOGENES	154	31	20,13		±6,33	13,80–26,46	1)–3)
aus Schweinefleisch									
7 (8)	BY,SH,RP,S N,NW,ST,T H	L.MONOCYTOGENES	146	23	15,75		±5,91	9,84–21,66	1),2)
aus anderem Fleisch ohne Geflügel									
1 (1)	SN	L.MONOCYTOGENES	1	1	100		±0,00		

[1] Vgl. Erläuterungen unter Methoden (cf. methods).

Fortsetzung Tab. 4.5.3: Lebensmittel-Planproben 2016 – *L. MONOCYTOGENES*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)	An-merk.
*)	Länder								
Hackfleischzubereitungen									
10 (13)	BY,SH,HE,NW, RP,MV,SN,NI, ST,TH	L.MONOCYTOGENES	494	94	19,03		±3,46	15,57–22,49	1)–3)
aus Schweinefleisch									
8 (8)	BY,SH,HE,NW, RP,MV,SN,TH	L.MONOCYTOGENES	114	29	25,44		±7,99	17,44–33,43	2)
Hitzebehandelte Fleischerzeugnisse									
11 (16)	HE,BY,SH,	L.MONOCYTOGENES	1635	17	1,04		±0,49	0,55–1,53	1)–3)
	NW,RP,BW,MV, SN,NI,ST,TH	L.M. IIa	..	1	0,06		±0,12	0,00–0,18	
aus Rindfleisch									
9 (13)	BY,SH,BW,MV, SN,NW,ST,RP, TH	L.MONOCYTOGENES	79	0					1),2)
H.F. aus Schweinefleisch									
11 (14)	BY,SH,HE,	L.MONOCYTOGENES	630	10	1,59		±0,98	0,61–2,56	1),2)
	NW,RP,BW,MV, SN,NI,ST,TH	L.M. IIa	..	1	0,16		±0,31	0,00–0,47	
Anders stabilisierte Fleischerzeugnisse									
13 (17)	NW,HE,BY,HH, SH,RP,BW,MV, SN,NI,ST,BB,TH	L.MONOCYTOGENES	1831	189	10,32		±1,39	8,93–11,72	1),2), 3),4)
aus Rindfleisch									
8 (11)	BY,BW,MV,SN, NI,NW,ST,TH	L.MONOCYTOGENES	42	5	11,9		±9,79	2,11–21,70	1),2)
aus Schweinefleisch									
12 (13)	BY,HH,SH,HE, NW,RP,BW,MV,S N,NI,ST,TH	L.MONOCYTOGENES	527	50	9,49		±2,50	6,99–11,99	1),2)
aus anderem Fleisch ohne Geflügel									
3 (3)	SH,MV,SN	L.MONOCYTOGENES	31	4	12,9		±11,80	1,10–24,70	
Fleischerzeugnisse in Konserven									
7 (8)	HE,SH,SN,NI, NW,ST,RP	L.MONOCYTOGENES	59	4	6,78		±6,41	0,36–13,19	1)
Geflügelfleisch, gesamt									
12 (13)	HE,BY,HH,SH, NW,RP,BW,MV,N I,SL,ST,TH	L.MONOCYTOGENES	88	16	18,18		±8,06	10,12–26,24	1),2)
Fleisch v. Masthähnchen									
12 (12)	BY,HH,SH,HE, NW,RP,BW,MV,N I,SL,ST,TH	L.MONOCYTOGENES	72	16	22,22		±9,60	12,62–31,83	1),2)
Fleischerzeugnisse mit Geflügelfleisch									
11 (15)	HE,BY,SH,NW, RP, BW,MV, SN,NI,ST,TH	L.MONOCYTOGENES	516	21	4,07		±1,70	2,36–5,77	1),2)

Fortsetzung Tab. 4.5.3: Lebensmittel-Planproben 2016 – *L. MONOCYTOGENES*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)	An-merk.
*)	Länder								
Geflügelfleisch, roh, küchenmäßig vorbereitet									
2 (2)	NW,ST	L.MONOCYTOGENES	6	1	16,67		±29,82	0,00–46,49	1)
Fische, Meerestiere und Erzeugnisse, gesamt									
12 (17)	NW,HE,BY, HH,SH,BW,	L.MONOCYTOGENES	2395	206	8,60		±1,12	7,48–9,72	1),2), 4)
	MV,SN,NI, ST,RP,TH	L.M. 1/2c	..	1	0,04		±0,08	0,00–0,12	
Fische und Zuschnitte									
11 (14)	BY,HH,SH,NW, BW, MV,SN,NI, ST,RP,TH	L.MONOCYTOGENES	383	49	12,79		±3,35	9,45–16,14	1),2)
Fisch, heiß geräuchert									
11 (15)	BY,HH,SH,MV, SN,NI,NW,ST, RP,HE,TH	L.MONOCYTOGENES	787	71	9,02		±2,00	7,02–11,02	1),2), 4)
Fisch, hitzebehandelt									
3 (3)	NW,ST,RP	L.MONOCYTOGENES	40	0					1)
Fisch, anders haltbar gemacht									
10 (14)	NW,BY,SH,BW, MV,SN,NI,ST, RP,TH	L.MONOCYTOGENES	535	55	10,28		±2,57	7,71–12,85	1),2)
Fisch, kalt geräuchert oder gebeizt									
4 (4)	BY,HH,SH,	L.MONOCYTOGENES	89	12	13,48		±7,10	6,39–20,58	
	MV	L.M. 1/2c	..	1	1,12		±2,19	0,00–3,31	
Schalen-, Krusten-, ähnliche Tiere und Erzeugnisse									
10 (10)	HH,SH,NW, BW,BY,MV,SN, NI,ST,RP	L.MONOCYTOGENES	226	8	3,54		±2,41	1,13–5,95	1)
Eiklar									
1 (2)	NI	L.MONOCYTOGENES	15	0					
Dotter									
1 (2)	NI	L.MONOCYTOGENES	10	0					
Ei-Aufschlagmasse (vor Pasteurisierung)									
1 (2)	NI	L.MONOCYTOGENES	15	0					
Vorzugsmilch									
7 (7)	BY,SH,MV,SN, NI,NW, TH	L.MONOCYTOGENES	39	2	5,13		±6,92	0,00–12,05	2)
Rohmilch ab Hof									
3 (3)	HE,BY,MV	L.MONOCYTOGENES	59	3	5,08		±5,61	0,00–10,69	5)
		L.M. O1	..	1	1,69		±3,29	0,00–4,99	6)
Sammelmilch (Rohmilch)									
5 (5)	HE,BY,SH,	L.MONOCYTOGENES	58	3	5,17		±5,70	0,00–10,87	
	MV,SN	L.M. O1	..	1	1,72		±3,35	0,00–5,07	6)
Rohmilch-Weichkäse									
9 (11)	BY,SH,HE,MV, NI,NW,ST,RP, TH	L.MONOCYTOGENES	278	1	0,36		±0,70	0,00–1,06	1),2)
Rohmilch-Käse aus Schafsmilch									
6 (9)	MV,NI,NW,ST, RP,TH	L.MONOCYTOGENES	40	0					1),2)
Rohmilch-Käse, andere									
4 (4)	BY,SH,MV,TH	L.MONOCYTOGENES	40	0					2)

Fortsetzung Tab. 4.5.3: Lebensmittel-Planproben 2016 – *L. MONOCYTOGENES*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abweichung	Konfidenzintervall (%)	Anmerk.
*)	Länder								
Milch, pasteurisiert									
9 (11)	BY,SH,MV,SN, NI,NW,ST,RP, TH	L.MONOCYTOGENES	362	0					1),2)
Milch, UHT, sterilisiert oder gekocht									
5 (5)	BW,BY,MV,SN, NW	L.MONOCYTOGENES	53	0					
Milchprodukte, ohne Rohmilch									
4 (8)	NW,NI,ST,RP	L.MONOCYTOGENES	459	7	1,53		±1,12	0,40–2,65	1)
Butter									
8 (9)	BY,SH,MV,SN, NI,NW,ST,TH	L.MONOCYTOGENES	266	1	0,38		±0,74	0,00–1,11	1),2)
Weichkäse									
11 (15)	HE,BY,SH,NW, RP,BW,MV,SN, NI, ST,TH	L.MONOCYTOGENES	684	5	0,73		±0,64	0,09–1,37	1),2)
Käse, andere									
11 (16)	NW,HE,BY,	L.MONOCYTOGENES	2034	11	0,54		±0,32	0,22–0,86	1),2)
	SH,RP,BW,MV, SN,NI, ST,TH	L.M. O1	..	1	0,05		±0,10	0,00–0,15	6)
Trockenmilch									
4 (4)	BY,SH,MV,SN	L.MONOCYTOGENES	86	0					
Rohmilch anderer Tierarten									
7 (8)	BY,SH,MV,NI, NW,ST,TH	L.MONOCYTOGENES	37	0					1),2)
Käse und -zubereitungen aus Rohmilch anderer Tierarten									
5 (6)	SN,NI,NW,ST,R P	L.MONOCYTOGENES	20	0					1)
Ziegenkäse									
10 (12)	BY,SH,BW,MV, SN,NI,NW,ST, RP,TH	L.MONOCYTOGENES	101	2	1,98		±2,72	0,00–4,70	1),2)
Weichkäse aus Ziegenmilch									
4 (4)	BY,BW,MV,TH	L.MONOCYTOGENES	22	0					2)
Schafkäse									
6 (7)	HE,BY,SH,MV, SN,TH	L.MONOCYTOGENES	35	0					2)
Milchpulver, Trockenmilch									
4 (6)	NI,NW,ST,RP	L.MONOCYTOGENES	104	0					1)
Milchprodukte, andere									
9 (7)	BY,HH,SH,HE, RP,BW,MV,SN, TH	L.MONOCYTOGENES	818	2	0,24		±0,34	0,00–0,58	2),3)
Milch, unspezifiziert									
4 (9)	NI,NW,ST,RP	L.MONOCYTOGENES	217	9	4,15		±2,65	1,49–6,80	1)
Feine Backwaren									
4 (5)	MV,NI,NW,	L.MONOCYTOGENES	1034	13	1,26		±0,68	0,58–1,94	
	SL	L.M. O1	..	3	0,29		±0,33	0,00–0,62	6)

Fortsetzung Tab. 4.5.3: Lebensmittel-Planproben 2016 – *L. MONOCYTOGENES*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abweichung	Konfidenzintervall (%)	Anmerk.
*)	Länder								
Teigwaren									
3 (4)	MV,NI,NW	L.MONOCYTOGENES	20	0					
Speiseeis									
5 (5)	MV,NI,NW, ST,TH	L.MONOCYTOGENES	1131	0					1)
Speiseeis, handwerkliche Herstellung									
1 (1)	BY	L.MONOCYTOGENES	636	0					
Feinkostsalate – fleischhaltig									
4 (5)	NI,NW,ST, RP	L.MONOCYTOGENES	176	9	5,11		±3,25	1,86–8,37	1),4)
Feinkostsalate – fischhaltig									
3 (3)	NW,ST,RP	L.MONOCYTOGENES	77	0					1)
Feinkostsalate – pflanzenhaltig									
3 (3)	NI,NW,ST	L.MONOCYTOGENES	80	0					1)
Feinkostsalate – eihaltig									
4 (4)	NI,NW,ST, RP	L.MONOCYTOGENES	50	0					1)
Feinkostsalate – milchhaltig									
4 (6)	NI,NW,ST, RP	L.MONOCYTOGENES	55	0					1)
Feinkostsalate – geflügelhaltig									
4 (4)	NI,NW,ST, RP	L.MONOCYTOGENES	64	1	1,56		±3,04	0,00–4,60	1)
Feinkostsalate – sonstige									
4 (4)	MV,NI,NW, ST	L.MONOCYTOGENES	224	7	3,13		±2,28	0,85–5,40	1)
Feinkostsalate, unspezifiziert									
3 (4)	NI,NW,ST	L.MONOCYTOGENES	132	2	1,52		±2,08	0,00–3,60	1)
Fertiggerichte									
6 (9)	BY,MV,NI, NW,ST,RP	L.MONOCYTOGENES	505	8	1,58		±1,09	0,50–2,67	1)
Fertige Puddinge, Krem-, Breispeisen und Soßen (ohne Roheizusatz)									
2 (3)	MV,NW	L.MONOCYTOGENES	49	0					
Soßen, Dressings									
3 (5)	NI,NW,RP	L.MONOCYTOGENES	19	0					
Kinder-, Diätnahrung									
2 (4)	NI,NW	L.MONOCYTOGENES	20	0					
Kleinkindernahrung bis 6 Mon.									
3 (6)	BY,NI,NW	L.MONOCYTOGENES	182	1	0,55		±1,07	0,00–1,62	
Kleinkindernahrung ab 6 Mon.									
1 (3)	NW	L.MONOCYTOGENES	25	0					
Gewürze									
4 (4)	BW,NI,NW, TH	L.MONOCYTOGENES	15	0					2)
Salate									
3 (3)	NI,NW,ST	L.MONOCYTOGENES	170	5	2,94		±2,54	0,40–5,48	1)
Blattgemüse									
4 (5)	BY,BW,MV, NW	L.MONOCYTOGENES	20	1	5,00		±9,55	0,00–14,55	
Anderes Frischgemüse zum Rohverzehr									
8 (9)	BY,HH,SH, HE,NW,MV, RP,TH	L.MONOCYTOGENES	252	0					2),7), 8)
Sprossgemüse									
8 (13)	BY,HH,SH, MV,NI,NW, RP,TH	L.MONOCYTOGENES	238	2	0,84		±1,16	0,00–2,00	9), 10)
Frischgemüse ausgenommen Rhabarber									
2 (5)	NI,NW	L.MONOCYTOGENES	156	0					

Fortsetzung Tab. 4.5.3: Lebensmittel-Planproben 2016 – *L. MONOCYTOGENES*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abweichung	Konfidenzintervall (%)	Anmerk.
*)	Länder								
Frischobst einschließlich Rhabarber									
4 (4)	SH,HE,NI, NW	L.MONOCYTOGENES	21	0					
Obstsalat gemischt									
3 (4)	BW,MV,NW	L.MONOCYTOGENES	36	0					
Pflanzliche Lebensmittel, sonst									
7 (6)	HE,HH,SH,	L.MONOCYTOGENES	96	4	4,17		±4,00	0,17–8,16	11)
	BW,BY,MV, RP	L.M. IIa	..	3	3,13		±3,48	0,00–6,61	11)
Trinkwasser und Mineralwasser									
1 (1)	NI	L.MONOCYTOGENES	14	0					
Lebensmittel, sonst									
9 (14)	HE,BY,SH, NW,BW, MV,NI,ST,	L.MONOCYTOGENES	1263	78	6,18		±1,33	4,85–7,50	1), 12), 13)
	RP	L.MONOCYTOGENES IIa	..	2	0,16		±0,22	0,00–0,38	13)
Bedarfsgegenstände									
1 (1)	NW	L.MONOCYTOGENES	10	0					
Tupferproben in Lebensmittel-Betrieben									
5 (8)	BY,SH,BW, NI,NW	L.MONOCYTOGENES	407	23	5,65		±2,24	3,41–7,89	

Anmerkungen

1) ST,BB,NI,TH: Probenvorbereitung g
2) TH: VIDAS in 25g
3) TH: Anr./VIDAS
4) ST: spezielle Probenvorb
5) BY: Ergebnisse vom BfR zur Serovar-Bestimmung liegen noch nicht vor
6) MV: O1
7) RP: Zoon-Mon.Tomaten
8) TH: Anreicherung Screening VIDAS LMO, Bestätigung mit L00.00-32
9) TH: Screening VIDAS LMO, Bestätigung mit L00.00-32
10) TH: Screening mit VIDAS LMO, Bestätigung mit § 64 LFGB L00.00-32
11) RP: Paprika, Salat, Blumenkohl
12) HE: Suppe
13) RP: Cordon bleu, Baguette

Tab. 4.5.4: Lebensmittel-Anlassproben 2016 – *L. MONOCYTOGENES*

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	An-
*)	Länder		Proben	.			chung	intervall (%)	merk.
Fleisch ohne Geflügel, gesamt									
9 (13)	BY,HE,HH,MV,	L.MONOCYTOGENES	197	35	17,77		±5,34	12,43–23,10	1)
	NI,NW,SH,SN, TH	L.M. IIa	..	4	2,03		±1,97	0,06–4,00	
Rindfleisch									
6 (8)	BY,HE,NW,SH, SN,TH	L.MONOCYTOGENES	30	2	6,67		±8,93	0,00–15,59	1)
Schweinefleisch									
7 (10)	BY,HE,MV,NI, NW,SH,SN	L.MONOCYTOGENES	69	13	18,84		±9,23	9,61–28,07	
Schaffleisch									
3 (3)	HE,HH,SH	L.MONOCYTOGENES	8	1	12,50		±22,92	0,00–35,42	
Wildwiederkäuerfleisch									
1 (1)	HH	L.MONOCYTOGENES	17	3	17,65		±18,12	0,00–35,77	
		L.M. IIa	..	3	17,65		±18,12	0,00–35,77	
Wildfleisch, sonst									
2 (2)	HE,HH	L.MONOCYTOGENES	10	2	20,00		±24,79	0,00–44,79	
		L.M. IIa	..	1	10,00		±18,59	0,00–28,59	
Fleisch, sonst									
1 (1)	HE	L.MONOCYTOGENES	37	10	27,03		±14,31	12,72–41,34	
Fleischteilstücke, roh, küchenmäßig vorbereitet									
1 (1)	NW	L.MONOCYTOGENES	1	1	100		±0,00		
aus Schweinefleisch									
1 (1)	NW	L.MONOCYTOGENES	1	1	100		±0,00		
Rohfleisch, zerkleinert (Stücke bis 100 g)									
2 (3)	BY,HE	L.MONOCYTOGENES	4	3	75,00		±42,44	32,56–100,00	
aus Schweinefleisch									
1 (1)	BY	L.MONOCYTOGENES	1	1	100		±0,00		
Hackfleisch									
7 (9)	BY,HE,NW,RP, SH,SN,ST	L.MONOCYTOGENES	54	12	22,22		±11,09	11,13–33,31	2)
gemischt (Rind/Schwein)									
5 (5)	BY,NW,RP,SH, SN	L.MONOCYTOGENES	7	3	42,86		±36,66	6,20–79,52	
aus Schweinefleisch									
4 (4)	BY,NW,SN,ST	L.MONOCYTOGENES	10	1	10,00		±18,59	0,00–28,59	2)
Hackfleischzubereitungen									
5 (6)	BY,NW,SH,ST, TH	L.MONOCYTOGENES	48	23	47,92		±14,13	33,78–62,05	1),2)
aus Schweinefleisch									
1 (1)	BY	L.MONOCYTOGENES	17	9	52,94		±23,73	29,21–76,67	
Hitzebehandelte Fleischerzeugnisse									
10 (13)	BY,HE,HH,NI, NW,RP,SH,SN, ST,TH	L.MONOCYTOGENES	237	10	4,22		±2,56	1,66–6,78	1),2)
aus Rindfleisch									
2 (2)	NW,SN	L.MONOCYTOGENES	4	1	25,00		±42,44	0,00–67,44	
aus Schweinefleisch									
4 (6)	BY,HH,SN,TH	L.MONOCYTOGENES	80	6	7,50		±5,77	1,73–13,27	1)
Anders stabilisierte Fleischerzeugnisse									
9 (13)	BY,MV,NI,NW,	L.MONOCYTOGENES	162	42	25,93		±6,75	19,18–32,67	1),2)
	RP,SH,SN,ST, TH	L.M. IIc	..	1	0,62		±1,21	0,00–1,82	
aus Rindfleisch									
1 (1)	SN	L.MONOCYTOGENES	1	1	100		±0,00		
aus Schweinefleisch									
4 (6)	BY,MV,NW,SN	L.MONOCYTOGENES	38	8	21,05		±12,96	8,09–34,02	

Fortsetzung Tab. 4.5.4: Lebensmittel-Anlassproben 2016 – *L. MONOCYTOGENES*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abweichung	Konfidenzintervall (%)	Anmerk.
Geflügelfleisch, gesamt									
4 (4)	HE,NW,RP,SH	L.MONOCYTOGENES	31	4	12,90		±11,80	1,10–24,70	
Fleisch v. Masthähnchen									
4 (4)	HE,NW,RP,SH	L.MONOCYTOGENES	24	3	12,50		±13,23	0,00–25,73	
Fleisch v. Truthühnern/Puten									
2 (2)	HE,SH	L.MONOCYTOGENES	5	1	20,00		±35,06	0,00–55,06	
Fleischerzeugnisse mit Geflügelfleisch									
6 (8)	BY,HE,NI,NW,RP,SN	L.MONOCYTOGENES	57	3	5,26		±5,80	0,00–11,06	
Fische, Meerestiere und Erzeugnisse, gesamt									
9 (13)	BY,MV,NI,NW,RP,SH,SN,ST,TH	L.MONOCYTOGENES	103	20	19,42		±7,64	11,78–27,06	1),2)
Fische und Zuschnitte									
7 (8)	MV,NI,NW,RP,SH,SN,TH	L.MONOCYTOGENES	10	2	20,00		±24,79	0,00–44,79	1)
Fisch, heiß geräuchert									
6 (8)	BY,MV,NW,RP,ST,TH	L.MONOCYTOGENES	42	9	21,43		±12,41	9,02–33,84	1),2)
Fisch, anders haltbar gemacht									
5 (7)	BY,MV,NW,RP,SN	L.MONOCYTOGENES	31	7	22,58		±14,72	7,86–37,30	
Fisch, kalt geräuchert oder gebeizt									
3 (3)	BY,MV,SH	L.MONOCYTOGENES	4	2	50,00		±49,00	1,00–99,00	
Schalen-, Krusten-, ähnliche Tiere und Erzeugnisse									
5 (6)	NI,NW,RP,SH,SN	L.MONOCYTOGENES	9	1	11,11		±20,53	0,00–31,64	
Eiprodukte, verkehrsfertig									
1 (2)	NI	L.MONOCYTOGENES	10	0					
Rohmilch ab Hof									
3 (3)	BY,HE,MV	L.MONOCYTOGENES	11	4	36,36		±28,43	7,94–64,79	3)
Sammelmilch (Rohmilch)									
1 (1)	HE	L.MONOCYTOGENES	14	0					
Milch, pasteurisiert									
6 (6)	BY,HE,NI,NW,RP,SH	L.MONOCYTOGENES	22	0					
Milchprodukte, ohne Rohmilch									
2 (4)	NW,RP	L.MONOCYTOGENES	22	0					
Butter									
3 (3)	BY,NW,SH	L.MONOCYTOGENES	18	0					
Weichkäse									
5 (6)	BY,HE,NW,RP,SN	L.MONOCYTOGENES	31	1	3,23		±6,22	0,00–9,45	
Käse, andere									
9 (12)	BY,HE,MV,NI,NW,RP,SH,SN,TH	L.MONOCYTOGENES	116	15	12,93		±6,11	6,82–19,04	1)
Ziegenkäse									
3 (3)	BY,RP,TH	L.MONOCYTOGENES	10	1	10,00		±18,59	0,00–28,59	1)
Milchprodukte, andere									
5 (6)	BY,HE,MV,SN,TH	L.MONOCYTOGENES	72	0					1)
Milch, unspezifiziert									
3 (3)	NI,NW,RP	L.MONOCYTOGENES	10	4	40,00		±30,36	9,64–70,36	
Feine Backwaren									
3 (6)	MV,NW,SL	L.MONOCYTOGENES	41	1	2,44		±4,72	0,00–7,16	
Speiseeis									
4 (7)	MV,NW,RP,ST	L.MONOCYTOGENES	59	0					2)
Speiseeis, handwerkliche Herstellung									
1 (1)	BY	L.MONOCYTOGENES	21	0					

Fortsetzung Tab. 4.5.4: Lebensmittel-Anlassproben 2016 – *L. MONOCYTOGENES*

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abweichung	Konfidenzintervall (%)	Anmerk.
Feinkostsalate – fleischhaltig									
2 (3)	NI,NW	L.MONOCYTOGENES	5	1	20,00		±35,06	0,00–55,06	
Feinkostsalate, unspezifiziert									
4 (5)	NW,RP,SL,ST	L.MONOCYTOGENES	22	0					2)
Fertiggerichte									
4 (6)	BY,NI,NW,RP	L.MONOCYTOGENES	60	5	8,33		±6,99	1,34–15,33	
Soßen, Dressings									
3 (4)	NI,NW,RP	L.MONOCYTOGENES	14	0					
Gewürze									
3 (5)	HE,NW,RP	L.MONOCYTOGENES	14	0					
Pflanzliche Lebensmittel, sonst									
4 (5)	BY,HE,NW,SH	L.MONOCYTOGENES	36	1	2,78		±5,37	0,00–8,15	
Trinkwasser und Mineralwasser									
4 (4)	BY,HE,MV,SH	L.MONOCYTOGENES	7	1	14,29		±25,92	0,00–40,21	
Lebensmittel, sonst									
7 (10)	BY,HE,MV,NI, NW,RP,SH	L.MONOCYTOGENES	294	12	4,08		±2,26	1,82–6,34	
Tupferproben in Lebensmittel-Betrieben									
7 (8)	BY,HH,NI,NW, SH,SN,TH	L.MONOCYTOGENES	4896	177	3,62		±0,52	3,09–4,14	1)

Anmerkungen

1) TH: VIDAS in 25 g
2) ST: Probenvorbereitung g
3) BY: Ergebnisse vom BfR zur Serovar-Bestimmung liegen noch nicht vor

Tab. 4.5.5: *LISTERIA MONOCYTOGENES* in Lebensmitteln 2016, quantitative Untersuchungen – Planproben

Lebensmittel	Länder (Labore)	Proben	Positive Proben (%)			
			+< 100 K/g	> 10^2–10^3 KbE/g	> 10^3–10^4 KbE/g	> 10^4 KbE/g
Fleisch ohne Geflügel, gesamt	13 (16)	334	1,80%			
Rindfleisch	8 (10)	92	2,17%			
Schweinefleisch	12 (14)	166	2,41%			
Schaffleisch	5 (5)	22				
Wildfleisch, sonst	3 (3)	7	14,29%			
Rohfleisch, zerkleinert (Stücke bis 100 g)	9 (9)	100	1,00%			
Hackfleisch	11 (14)	899	3,11%		0,11%	
aus Rindfleisch	9 (11)	334	1,50%			
gemischt (Rind/Schwein)	8 (9)	271	3,32%		0,37%	
aus Schweinefleisch	9 (10)	241	3,32%			
Hackfleischzubereitungen	13 (17)	396	3,28%	1,01%		
aus Schweinefleisch	9 (7)	136	4,41%	1,47%		
Hitzebehandelte Fleischerzeugnisse	14 (18)	1144	0,26%			0,09%
aus Schweinefleisch	10 (11)	409	0,24%			0,24%
Anders stabilisierte Fleischerzeugnisse	15 (20)	1499	1,20%	0,67%		
aus Rindfleisch	7 (7)	31	3,23%	3,23%		
aus Schweinefleisch	10 (10)	441	1,81%	0,45%		
aus anderem Fleisch ohne Geflügel	3 (3)	26	3,85%			
Geflügelfleisch, gesamt	13 (13)	205	0,98%			
Fleisch v. Masthähnchen	13 (12)	160	1,25%			
Fleischerzeugnisse mit Geflügelfleisch	14 (15)	488		0,20%	0,20%	0,20%
Geflügelfleisch, roh, küchenmäßig vorbereitet	2 (4)	40	2,50%		0,00%	
Fische, Meerestiere u. Erzeugnisse, gesamt	14 (19)	1701	0,65%	0,35%	0,12%	
Fische und Zuschnitte	13 (17)	334	0,90%	0,30%		
Fisch, heiß geräuchert	12 (15)	582	0,52%		0,17%	
Fisch, anders haltbar gemacht	11 (16)	397	0,25%	0,76%		
Fisch, kalt geräuchert oder gebeizt	5 (5)	124	3,23%	1,61%	0,81%	
Schalen-, Krusten-, ähnliche Tiere und Erzeugnisse	11 (12)	176				
Sammelmilch (Rohmilch)	2 (2)	36	2,78%			
Rohmilch-Weichkäse	8 (11)	120				
Milch, pasteurisiert	8 (9)	77				
Milchprodukte, ohne Rohmilch	5 (8)	810				
Butter	3 (5)	38				
Weichkäse	13 (15)	302				
Käse, andere	13 (16)	776		0,39%		
Ziegenkäse	9 (11)	59				
Milchprodukte, andere	10 (9)	558	15,05%			
Feine Backwaren	4 (5)	313		0,32%		
Teigwaren	3 (4)	39				
Speiseeis	4 (6)	1068				
Feinkostsalate – fleischhaltig	4 (6)	60				
Feinkostsalate – sonstige	3 (5)	191				
Feinkostsalate, unspezifiziert	3 (5)	22	4,55%			
Fertiggerichte	7 (11)	941	0,43%			
Fertige Puddinge, Krem-, Breispeisen und Soßen (ohne Roheizusatz)	1 (1)	437				
Soßen, Dressings	3 (4)	146	0,68%			
Gewürze	3 (3)	15	13,33%			
Salate	3 (6)	33	3,03%			
Anderes Frischgemüse zum Rohverzehr	7 (7)	138				
Sprossgemüse	8 (13)	217	16,13%			
Frischgemüse ausgenommen Rhabarber	2 (5)	114	0,88%			
Frischobst einschließlich Rhabarber	4 (5)	40	2,50%			
Pflanzliche Lebensmittel, sonst	8 (7)	88	5,68%			

Tab. 4.5.6: *LISTERIA MONOCYTOGENES* in Lebensmitteln 2016, quantitative Untersuchungen – Anlassproben

Lebensmittel	Länder (Labore)[1]	Proben	Positive Proben (%)			
			+< 100 K/g	> 10^2–10^3 KbE/g	> 10^3–10^4 KbE/g	> 10^4 KbE/g
Fleisch ohne Geflügel, gesamt	9 (13)	135				
Rindfleisch	6 (7)	28				
Schweinefleisch	8 (12)	58				
Schaffleisch	2 (2)	16				
Wildwiederkäuerfleisch	2 (2)	11				
Wildfleisch, sonst	2 (2)	12				
Fleischteilstücke, roh, küchenmäßig vorbereitet	3 (3)	6	16,67%			
aus Schweinefleisch	2 (2)	5	20,00%			
Rohfleisch, zerkleinert (Stücke bis 100 g)	4 (4)	16				
Hackfleisch	8 (11),	212	0,94%			
aus Rindfleisch	6 (8)	80				
gemischt (Rind/Schwein)	6 (6)	64	1,56%			
aus Schweinefleisch	4 (4)	24				
Hackfleischzubereitungen	8 (9)	230	2,17%	1,74%		
aus Schweinefleisch	3 (3)	24		12,50%		
Hitzebehandelte Fleischerzeugnisse	7 (10)	178	1,12%	0,56%		
aus Rindfleisch	4 (4)	13	7,69%	7,69%		
aus Schweinefleisch	4 (5)	73				
Anders stabilisierte Fleischerzeugnisse	10 (13)	225	3,56%	0,44%	0,89%	
aus Schweinefleisch	5 (6)	43				
Geflügelfleisch, gesamt	6 (7)	39	2,56%			
Fleisch v. Masthähnchen	5 (6)	24	4,17%			
Fleisch v. Truthühnern/Puten	2 (2)	13				
Fleischerzeugnisse mit Geflügelfleisch	6 (7)	69	7,25%	1,45%	1,45%	
Geflügelfleisch, roh, küchenmäßig vorbereitet	2 (3)	7	28,57%			
Fische, Meerestiere u. Erzeugnisse, gesamt	11 (14)	149	1,34%	0,67%		0,67%
Fische und Zuschnitte	6 (6)	27				
Fisch, heiß geräuchert	8 (9)	47	2,13%			2,13%
Fisch, anders haltbar gemacht	8 (10)	54				
Fisch, kalt geräuchert oder gebeizt	3 (3)	6		16,67%		
Schalen-, Krusten-, ähnliche Tiere und Erzeugnisse	6 (7)	23	4,35%			
Rohmilch ab Hof	1 (1)	2	100,00%			
Rohmilch-Weichkäse	4 (4)	43				
Milchprodukte, ohne Rohmilch	3 (5)	125	0,80%			
Weichkäse	8 (9)	110				0,91%
Käse, andere	10 (13)	150		2,67%	4,00%	
Ziegenkäse	4 (4)	15				6,67%
Milchprodukte, andere	5 (5)	41				
Milch, unspezifiziert	2 (2)	25				
Speiseeis	3 (6)	669				
Feinkostsalate, unspezifiziert	3 (6)	13	7,69%			
Fertiggerichte	4 (7)	719	1,95%			
Fertige Puddinge, Krem-, Breispeisen und Soßen (ohne Roheizusatz)	2 (3)	46				
Soßen, Dressings	3 (5)	98				
Gewürze	4 (4)	12	41,67%			
Vorzerkleinertes Gemüse und Salate	1 (1)	1	100,00%			
Blattgemüse	3 (3)	6	16,67%			
Obstsalat gemischt	1 (2)	3	33,33%			
Pflanzliche Lebensmittel, sonst	3 (3)	41				
Trinkwasser und Mineralwasser	2 (2)	2		50,00%		
Lebensmittel, sonst	6 (6)	263	4,18%	1,14%		

[1] Anzahl der an der Berichterstattung beteiligten Länder (Labore)

Tab. 4.5.7 a): Tiere 2016 – *L. MONOCYTOGENES* (Herden/Gehöfte)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden/Gehöfte untersucht	Pos.	%	%r	Anmer-kungen
*)	Länder						
Legehennen							
3 (3)	MV,ST,TH	L.MONOCYTOGENES	14	3	21,43		
		L.M. O1	..	1	7,14		
Legephase							
2 (2)	MV,ST	L.MONOCYTOGENES	7	2	28,57		
		L.M. O1	..	1	14,29		
Rinder, gesamt							
8 (8)	BW,HE,MV,NI,	L.MONOCYTOGENES	496	25	5,04		2),3)
	NW,RP,ST,TH	L.M. O1	..	1	0,20		1)
		L.M. O4	..	1	0,20		
Kälber							
4 (4)	BW,NW,RP,ST	L.MONOCYTOGENES	116	5	4,31		2)
Milchrinder							
4 (4)	BW,MV,NW,ST	L.MONOCYTOGENES	97	2	2,06		2)
		L.M. O1	..	1	1,03		
		L.M. O4	..	1	1,03		
Schweine							
2 (2)	RP,ST	L.MONOCYTOGENES	65	0			
Schafe							
8 (8)	BW,HE,MV,NI,	L.MONOCYTOGENES	252	31	12,30		2)
	NW,RP,ST,TH	L.M. O1	..	3	1,19		
		L.M. O4	..	2	0,79		
		L.M. I–II	..	2	0,79		
Ziegen							
8 (8)	BW,HE,MV,NI,	L.MONOCYTOGENES	90	10	11,11		2)
	NW,RP,ST,TH	L.M. I–II	..	1	1,11		
Pferde							
4 (4)	BW,HE,RP,ST	L.MONOCYTOGENES	34	1	2,94		
		L.M. I–II	..	1	2,94		

Anmerkungen
1) MV: L.MONOCYTOGENES O1
2) NW: Sektionsbefunde
3) RP: Gehirn-Histologie

Tab. 4.5.7 b): Tiere 2016 – *L. MONOCYTOGENES* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
*)	Länder						
Hühner, n. spez.							
1 (1)	SN	L.MONOCYTOGENES	1574	6	0,38		
		L.M. OI/OII	..	2	0,13		
		L.M. OV	..	1	0,06		
Legehennen							
6 (6)	BB,BY,MV,NW,	L.MONOCYTOGENES	136	10	7,35		
	ST,TH	L.M. O1	..	1	0,74		
Legephase							
3 (3)	BW,MV,ST	L.MONOCYTOGENES	11	6	54,55		
		L.M. O1	..	1	9,09		
Puten/Truthühner							
3 (3)	BY,SN,ST	L.MONOCYTOGENES	270	0			
Puten/Truthühner – Mast							
1 (1)	ST	L.MONOCYTOGENES	41	0			
Nutzgeflügel, sonst							
6 (6)	BW,BY,NI,NW, SN,ST	L.MONOCYTOGENES	339	0			
Wildvögel							
1 (1)	NI	L.MONOCYTOGENES	46	4	8,70		
Rinder, gesamt							
13 (18)	BB,BW,BY,HE,	L.MONOCYTOGENES	4633	86	1,86		1),2),3)
	MV,NI,NW,RP,	L.M. OI/OII	..	2	0,04		
	SH,SL,SN,ST,	L.M. OV	..	2	0,04		
	TH	L.M. O1	..	1	0,02		
		L.M. O4	..	1	0,02		
Kälber							
6 (6)	BW,BY,NW, RP,SN,ST	L.MONOCYTOGENES	224	13	5,80		3)
Milchrinder							
4 (4)	BW,MV,NW,ST	L.MONOCYTOGENES	211	6	2,84		3)
		L.M. O1	..	1	0,47		
		L.M. O4	..	1	0,47		
Schweine							
7 (7)	BB,BW,BY, NW,RP,SN,ST	L.MONOCYTOGENES	2105	0			
Schafe							
14 (17)	BB,BE,BW,BY,	L.MONOCYTOGENES	1059	81	7,65		1),3)
	HE,MV,NI,NW,	L.M. O1	..	3	0,28	30,00	
	RP,SH,SL,SN,	L.M. O4	..	2	0,19	20,00	
	ST,TH	L.M. OI/OII	..	2	0,19	20,00	
		L.M. I–II	..	2	0,19	20,00	
		L.M. OV	..	1	0,09	10,00	
Ziegen							
12 (16)	BB,BW,BY,HE,	L.MONOCYTOGENES	314	25	7,96		1),3)
	MV,NI,NW,RP, SH,SN,ST,TH	L.M. I–II	..	1	0,32		
Pferde							
7 (8)	BW,BY,HE,RP,	L.MONOCYTOGENES	2424	11	0,45		2)
	SH,SN,ST	L.M. I–II	..	1	0,04		
Hund							
6 (7)	BW,BY,HE,SH, SN,ST	L.MONOCYTOGENES	2140	3	0,14		2)
Katze							
5 (5)	BW,BY,SH,SN, ST	L.MONOCYTOGENES	1202	2	0,17		
Wildtiere							
1 (1)	NI	L.MONOCYTOGENES	50	9	18,00		

Fortsetzung Tab. 4.5.7: Tiere 2016 – L. MONOCYTOGENES (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
*)	Länder						
Tiere, sonst							
11 (11)	BB,BE,BW,BY,	L.MONOCYTOGENES	3081	95	3,08		3),5)–10)
	HE,MV,NW,	L.M. OI/OII	..	3	0,10		
	RP,SN,ST,TH	L.M. V–VI	..	3	0,10		
		L.M. O1	..	1	0,03		
		L.M. O4	..	1	0,03		
		L.M. I–II	..	1	0,03		

Anmerkungen

1) BW: histologische Diagnose
2) BY: Listerien SLA, keine Aussage, ob *L. monocytogenes*
3) NW: Sektionsbefunde
4) SL: Wildkatze
5) BB,BE: davon 220 x Rotfuchs (51 positiv)
6) BY: Rotwild
7) NW: 1 Reh, 1 Fuchs
8) RP: Damhirsch
9) RP: Eichhorn
10) RP: Zoo-, Wildwiederkäuer

4.6 Mycobacterium

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“, BfR, Berlin

M. Hartung

4.6.1 Erreger der Tuberkulose – Einleitung

Nachweise von *Mycobacterium (M.) bovis* sind nach der Zoonosen-Überwachungsrichtlinie (2003/99/EG, Anhang 1A) für die Mitgliedstaaten mitteilungspflichtig. *M. bovis* gehört zum *M. tuberculosis*-Komplex, wird aber in Deutschland nur selten als Infektionserreger der menschlichen Tuberkulose festgestellt (56 [1,5 %] der 5915 Infektionen mit Erregern des *M. tuberculosis*-Komplexes). In 97 % der beim Menschen festgestellten Tuberkulosefälle wurde 2016 der *M. tuberculosis*-Komplex nachgewiesen, daneben *M.africanum* (53 x: 1,4 %), *M. microti* (2 x) und *M. canetti* (1 x) (RKI, 2017).

Deutschland ist seit 1997 amtlich anerkannt frei von Rindertuberkulose. 2016 wurden zwei Rindertuberkulose-Neuausbrüche mit *M. bovis* oder *M. caprae* angezeigt. Damit liegt Deutschland unter dem durch die Richtlinien 64/432/EWG und 98/46/EG vorgegebenen Wert von 0,1 %, um den Status amtlich anerkannt frei aufrechtzuerhalten (FLI, 2017).

4.6.2 Mitteilungen der Länder über Nachweise der Erreger der Tuberkulose bei Untersuchungen bei Tieren in Deutschland

Infektionen mit *M. bovis* wurden 2016 nicht berichtet (Tab. 4.6.1). Bei Rindern wurden *M. caprae* und *M. avium,* bei Schweinen *M. avium* und *M. avium hominisuis* isoliert. Bei sonstigen Heim- und Zootieren wurden in 7 % der Proben Mycobakterien nachgewiesen, unter anderem *M. genavense, M. avium* und *M. arupense.* Bei sonstigen Tieren wurden *M. avium, M. caprae* und *M. marinum* gefunden.

M. caprae und *M avium* wurden im Süden Deutschlands nachgewiesen.

4.6.3 Übergreifende Betrachtung – Tuberkulose

Im Jahr 2016 wurde bei Rindern nur in wenigen Untersuchungen Mycobakterien nachgewiesen. *M. caprae* wurde bei Rindern und sonstigen Tieren gefunden. Für das Tuberkulosegeschehen beim Menschen sind diese Befunde von untergeordneter Bedeutung.

4.6.4 Paratuberkulose – Einleitung

Die Bedeutung von Paratuberkulose, verursacht durch *M. avium* ssp. *paratuberculosis* (MAP), als Zoonose ist nicht vollständig geklärt (Atreya et al. 2014).

Die Paratuberkulose des Rindes ist eine meldepflichtige Tierkrankheit. Die Diagnostik in Wiederkäuerherden wird mithilfe serologischer Methoden, durch einen mikroskopischen Nachweis säurefester Bakterien im Kot oder mithilfe von molekularbiologischen Verfahren durchgeführt. Kulturelle Nachweisverfahren sind sehr langwierig; sie dauern häufig mehrere Monate. Zwischen den Nachweisverfahren bestehen erhebliche Unterschiede in Sensitivität und Spezifität. Im Tierseuchennachrichtensystem (TSN) des Friedrich-Loeffler-Instituts sind die Voraussetzungen für die Feststellung eines Falles definiert:

- klinischer Verdacht, der durch mikroskopischen Nachweis säurefester Stäbchen in Nestern oder kulturellen Erregernachweis oder Genomnachweis aus Kot bzw. postmortal in Dünndarmschleimhaut oder Mesenteriallymphknoten bestätigt wird, oder
- kultureller Erregernachweis aus Kot oder Organmaterial bei klinisch unauffälligen Tieren oder
- typische postmortale Befunde mit mikroskopischem Nachweis säurefester Stäbchen oder kulturellem Erregernachweis bzw. Genomnachweis.

4.6.5 Mitteilungen der Länder über Nachweise der Erreger der Paratuberkulose bei Untersuchungen bei Tieren in Deutschland

Im Jahr 2016 wurden bei Rinderherden in 25,6 % MAP nachgewiesen (2015: 25,6 %; Tab. 4.6.2). Die Nachweisrate verringerte sich bei Einzeltieren (Rindern) leicht auf 3,4 % (2015: 4,7 %). Bei Milchrindern ging der Anteil positiver Befunde leicht auf 2,1 % zurück (2015: 2,9 %).

Für Schafe ergab sich mit 2,8 % ein geringerer Anteil positiver Proben gegenüber dem Vorjahr (2015: 13,9 %). Bei Ziegen ging die Nachweisrate zurück auf 6,9 % (2015: 13,9 %). Positive Befunde bei Heim- und Zootieren waren mit 15,2 % der Untersuchungen etwas häufiger als im Vorjahr (2015: 13,8 %).

In der grafischen Darstellung der Untersuchungsergebnisse je Land (Abb. 4.6.1) ist zu erkennen, dass die Nachweisraten von MAP gleichmäßig über die Länder verteilt sind.

4.6.6 Übergreifende Betrachtung – Paratuberkulose

Mit bundesweit mit 8.869 positiven Rindern stellt MAP nach wie vor einen häufigen Infektionserreger für Rinder dar. Die Beteiligung von MAP an Morbus Crohn wird immer wieder diskutiert (Kuenstner et al., 2017), ist aber nicht vollständig geklärt.

4.6.7 Literatur

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

Arbeitskreis Blut des BMG (2018): *Mycobacterium tuberculosis* – Stellungnahmen des Arbeitskreises Blut des Bundesministeriums für Gesundheit. Bundesgesundheitsbl 61: 100–115

Atreya, R., M. Bulte, G. F. Gerlach, R. Goethe et al. (2014): Facts, myths and hypotheses on the zoonotic nature of *Mycobacterium avium* subspecies paratuberculosis. International Journal of Medical Microbiology, IJMM 304, 858–867

FLI (2017): Tiergesundheitsjahresbericht 2016. Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems, 167 S. (http://www.fli.bund.de)

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

Kuenstner JT, Naser S, Chamberlin W, et al. (2017) The Consensus from the *Mycobacterium avium* ssp. paratuberculosis (MAP) Conference 2017. Front Public Health 5, 208. doi: 10.3389/fpubh.2017.00208. eCollection 2017

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

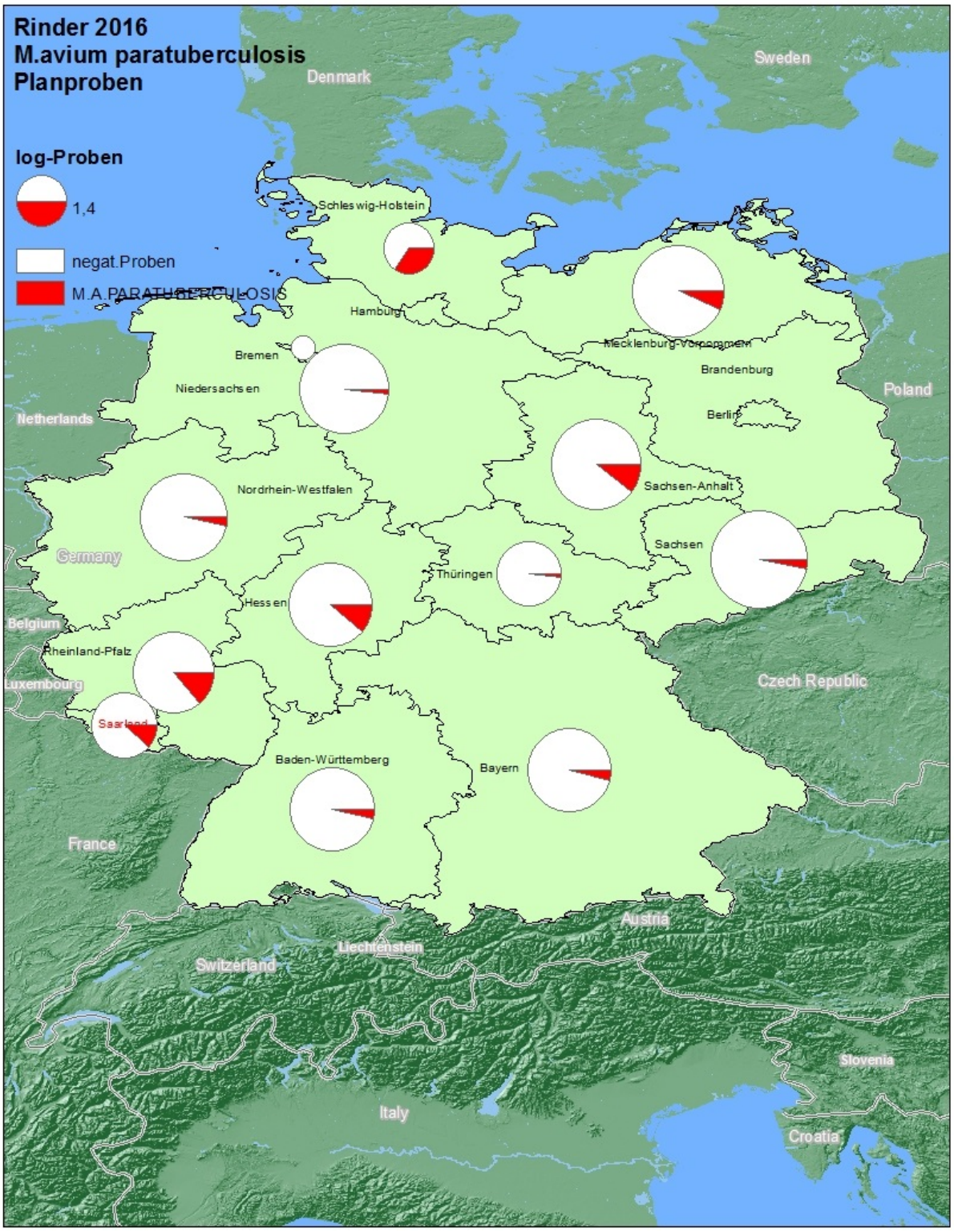

Abb. 4.6.1: Länderverteilung von *Mycobacterium avium paratuberculosis* bei Rindern (Einzeltiere) 2016

Tab. 4.6.1 a): Tiere 2016 – *MYCOBACTERIUM* (Herden/Gehöfte)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden/ Gehöfte untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
*)	Länder						
Hühner							
6 (6)	BY,HE,ST,BW,	MYCOBACTERIUM	92	21	22,83		1)6)
	MV,RP	M.AVIUM	..	11	11,96	100	4),5)
Sonstiges Geflügel							
7 (7)	BY,NI,ST,BW,	MYCOBACTERIUM	30	7	23,33		1),2),3),6),7)
	MV,NW,RP	M.AVIUM	..	4	13,33		
Rinder, gesamt							
6 (8)	HE,RP,BW,MV,	MYCOBACTERIUM	113	1	0,88		1),3),5)8)
	NI,NW	M.-OTHER	..	1	0,88		
Kälber							
3 (3)	BW,NW,RP	MYCOBACTERIUM	50	0			1),6)
Schweine							
6 (6)	HE,NI,ST,BW,	MYCOBACTERIUM	38	5	13,16		6),9)
	NW,RP	M.AVIUM	..	5	13,16		9)
Schafe							
3 (3)	HE,BW,RP	MYCOBACTERIUM	51	0			3),6)
Ziegen							
4 (5)	HE,NI,BW,RP	MYCOBACTERIUM	26	0			1),3),6)
Pferde							
2 (2)	BW,RP	MYCOBACTERIUM	14	0			3),6)

Anmerkungen

1) BW: modifizierte Ziehl-Neelsen-Färbung
2) MV: US-Methode: Sektion
3) MV,BW: Ziehl-Neelsen-Färbung
4) RP: Ziehl-Neelsen-Färbung: direkt
5) RP: Ziehl-Neelsen-Färbung: Histologie
6) RP: patholog.-anatom. Unt.
7) NW: Sektionsbefunde
8) RP: im Rahmen der bakteriologischen Fleischuntersuchung
9) BW: *M. hominissuis*

Tab. 4.6.1 b): Tiere 2016 – *MYCOBACTERIUM* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere	Pos.	%	%r	Anmerkungen
*)	Länder		untersucht				
Hühner							
10 (12)	HE,NW,SH,SN,	MYCOBACTERIUM	989	63	6,37		1),2),3),4),5),6),7)
	ST,BB,BW,BY, MV,RP	M.AVIUM	..	51	5,16	100	1),2),3),5)
Zuchthühner in der Legephase, gesamt							
1 (1)	BW	MYCOBACTERIUM	9	3	33,33		3)
Sonstiges Geflügel							
9 (11)	NI,SN,ST,BW,	MYCOBACTERIUM	809	18	2,22		2)–4),6),8)–11)
	BY,MV,NW,RP, SL	M.AVIUM	..	13	1,61	100	3)
Zoovögel							
1 (1)	BW	M.AVIUM	9	3	33,33		3)
Wildvögel							
1 (1)	BW	MYCOBACTERIUM	6	2	33,33		3)
		M.AVIUM	..	2	33,33		3)
Rinder, gesamt							
11 (16)	BB,BW,HE,NW,	MYCOBACTERIUM	3867	19	0,49		3),4),10)–14)
	RP,SH,SN,TH,	M.CAPRAE	..	8	0,21	80,00	
	BY,MV,NI	M.AVIUM	..	1	0,03	10,00	
		M.-OTHER	..	1	0,03	10,00	
Kälber							
5 (5)	SN,BB,BW,NW, RP	MYCOBACTERIUM	79	0			4),11)
Milchrinder							
5 (5)	BY,BW,MV,NW,	MYCOBACTERIUM	631	3	0,48		4),10)
	TH	M.CAPRAE	..	3	0,48		
Schweine							
10 (11)	BB,BW,HE,NI,	MYCOBACTERIUM	1378	115	8,35		11),12)
	NW,SN,ST,TH,	M.AVIUM	..	111	8,06	99,11	
	BY,RP	M.AVIUM HOMI-NISUIS	..	1	0,07	0,89	15)
Schafe							
8 (8)	HE,NW,SH,SN, TH,BB,BW,RP	MYCOBACTERIUM	2193	0			3),11),12)
Ziegen							
7 (8)	HE,NI,SH,SN, BB,BW,RP	MYCOBACTERIUM	113	0			3),4),11)
Pferde							
3 (3)	SN,BW,RP	MYCOBACTERIUM	75	0			3),11)
Hund							
5 (5)	HE,NW,SN,BW, RP	MYCOBACTERIUM	108	0			3),11)
Katze							
4 (4)	BW,NW,SN,RP	MYCOBACTERIUM	106	0			11)
Heim- & Zootiere, sonst							
8 (11)	BW,BY,HE,NW, ST,MV,RP,SN	MYCOBACTERIUM	1961	128	6,53		1),3),4),10),11), 18),19)
		M.GENAVENSE	..	52	2,65	58,43	
		M.AVIUM	..	35	1,78	39,33	
		M.ARUPENSE	..	1	0,05	1,12	
		M.VIRGINIENSE	..	1	0,05	1,12	17)
Tiere, sonst							
10 (12)	BB,BW,BY,HE, NW,RP,SH,SN,	MYCOBACTERIUM	861	26	3,02		1),4),11),13),14), 21)–24)
	TH,BE	M.AVIUM	..	8	0,93	50,00	1)
		M.CAPRAE	..	6	0,70	37,50	13),14)
		M.MARINUM	..	2	0,23	12,50	21)

Fortsetzung Tab. 4.6.1 b): Tiere 2016 - *MYCOBACTERIUM* (Einzeltiere)

Anmerkungen

1) BB,NW,BE: mikroskopisch
2) BW: pathologisch-anatomisch, histologisch
3) BW,BY,MV,SL,RP: Ziehl-Neelsen-Färbung
4) BW: modifizierte Ziehl-Neelsen-Färbung
5) BY: histologische Diagnose
6) MV: US-Methode: Sektion
7) MV: Angaben VLA
8) BY: Seuchenermittlung
9) BY: Krankheitsursache
10) NW: Sektionsbefunde
11) RP: patholog.-anatom. Unt.
12) TH: (Untersuchung auf MTC)
13) BY: PCR
14) BY: makroskopisch
15) NW: *M. hominissuis*
16) BW: Säugetiere, sonst
17) NW: M*. virginiense*
18) NW: 4 Alpakas, 1 Beuteltier, 1 Affe
19) RP: Flamingo
20) RP: path.-anat. Unters. im Rahmen der bakteriologischen Fleischunters.
21) SN: Beide Positive sind Fische
22) TH: Reh (Untersuchung auf MTC)
23) TH: Mufflon (Untersuchung auf MTC)
24) TH: Wildschwein (Untersuchung auf MTC)

Tab. 4.6.2 a): Tiere 2016 – *M. AVIUM PARATUBERCULOSIS* (Herden/Gehöfte)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden/Gehöfte untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
*)	Länder						
Rinder, gesamt							
11 (12)	BW,BY,HE,NW,RP, SL,ST,TH,HB,MV,NI	M.AVIUM PARATUBER-CULOSIS	2180	557	25,55		1)–6)
Milchrinder							
6 (6)	ST,TH,BW,MV,NI,NW	M.AVIUM PARATUBER-CULOSIS	291	110	37,80		4),8),9)
Schafe							
8 (8)	BW,HE,NW,RP,TH, BY,MV,NI	M.AVIUM PARATUBER-CULOSIS	35	2	5,71		3),8)
Ziegen							
9 (10)	BW,HE,NW,RP,ST, TH,BY,MV,NI	M.AVIUM PARATUBER-CULOSIS	53	8	15,09		3),7),8)

Anmerkungen
1) BY: Exportuntersuchung
2) RP: Sockentupfer
3) BW,RP: Ziehl-Neelsen-Färbung
4) HB,NI: Überwachung und Monitoring
5) NI: Abfragezeitraum: 01.10.2015–30.09.2016
6) ST: Serologie, ELISA
7) RP: Handelsuntersuchung
8) NI: Handel und Eigenkontrolle
9) NI: Tankmilchuntersuchungen im Rahmen von Überwachung und Monitoring

Tab. 4.6.2 b): Tiere 2016 – *M. AVIUM PARATUBERCULOSIS* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
*)	Länder						
Rinder, gesamt							
13 (18)	BW,BY,HE,NW, RP,SH,SL,SN,ST, TH,HB,MV,NI	M.AVIUM PARATUBER-CULOSIS	262676	8869	3,38		1)–7)
Kälber							
4 (4)	RP,ST,MV,NW	M.AVIUM PARATUBER-CULOSIS	12	0			
Milchrinder							
6 (6)	ST,BW,MV,NI,NW, TH	M.AVIUM PARATUBER-CULOSIS	36560	769	2,10		5)
Schweine							
1 (1)	SN	M.AVIUM PARATUBER-CULOSIS	6553	0			1)
Schafe							
10 (14)	BW,BY,HE,NW, RP,SH,SN,TH,MV, NI	M.AVIUM PARATUBER-CULOSIS	540	15	2,78		1),2),6)
Ziegen							
11 (17)	BW,BY,HE,NI,NW, RP,SH,SN,ST,TH, MV	M.AVIUM PARATUBER-CULOSIS	1744	120	6,88		1),2),6)
Heim- & Zootiere, sonst							
8 (10)	BW,BY,HE,NI,NW, SN,MV,ST	M.AVIUM PARATUBER-CULOSIS	204	31	15,20		1),7),9)–11)
Wild-Wiederkäuer, sonst							
1 (1)	BW	M.AVIUM PARATUBER-CULOSIS	178	0			
Tiere, sonst							
9 (9)	BW,HE,NW,RP, SN,ST,TH,BY,MV	M.AVIUM PARATUBER-CULOSIS	69	8	11,59		1),2),7),12), 13),14)

Anmerkungen
1) SN: Stand: 31.01.2017
2) BW,RP: Ziehl-Neelsen-Färbung
3) BY: Mikroskopie mit anschließender Anzucht
4) BY: mikroskopisch
5) HB,NI: Überwachung und Monitoring
6) HB,NI: Handel und Eigenkontrolle
7) ST: Serologie, ELISA
8) BY: Krankheitsursache
9) NI: Bison
10) BY: Zwergziegen Zoo geimpft
11) ST: Westafrikanische Zwergziege
12) RP: Kameliden
13) TH: Alpaka
14) ST: Reh

4.7 Brucella

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“, BfR, Berlin

M. Hartung

4.7.1 Einleitung

Die Brucellose bei Rind, Schaf und Ziege ist eine Tierseuche, die durch intensive Bekämpfung in Deutschland nahezu ausgerottet werden konnte. Deutschland ist gemäß der Entscheidung der EU-Kommission amtlich anerkannt frei von Rinder-, Schafs- und Ziegenbrucellose (2003/467/EG und 1993/52/EWG).

Verschiedene *Brucella(B.)*-Spezies (*B. melitensis, B. abortus* und *B. suis*) können beim Menschen zu teilweise schweren Infektionskrankheiten führen. 2016 wurden 36 Fälle von Brucellose beim Menschen an das RKI gemeldet. Von 23 Erkrankungsfällen mit bekannter Herkunft kamen zehn Personen aus Deutschland, die anderen Fälle kamen aus dem Irak (vier Fälle), Libanon und Syrien (je 2 x) sowie aus neun anderen Ländern. Bei 14 Fällen wurde *B. melitensis* und bei drei Fällen *B. abortus* isoliert, in den anderen Fällen erfolgte keine Angabe zur Erregerspezies (RKI, 2017).

4.7.2 Brucellose bei Tieren

Brucella spp. kommen bei Nutztieren in Deutschland sehr selten vor. Im Jahr 2016 wurde ein Ausbruch von Brucellose bei Rindern, Schafen oder Ziegen im Juni 2016 angezeigt (FLI, 2017).

4.7.2.1 Mitteilungen der Länder über *Brucella*-Ergebnisse in Deutschland

Bei der Untersuchung von Einzeltieren und Tierbeständen auf Brucellose kommen häufig serologische Testverfahren zum Einsatz, d.h., es wird nicht der Erreger nachgewiesen, sondern Antikörper gegen den Erreger.

Die Anzahl der mitgeteilten Untersuchungen von Rinderherden betrug 40.080 im Jahr 2016 (Tab. 4.7.1). Die Zahl der mitgeteilten Untersuchungen von Einzeltieren bei Rindern betrug 608.331. Die Untersuchungen erbrachten in weniger als 0,1 % der Fälle positive Befunde. Zwölf Bundesländer berichteten von Planproben von Rindern, die 41 % der gesamten Untersuchungen ausmachten und ebenfalls zu 0,1 % positiv waren.

B. suis wurde bei Schweinen und Wildschweinen nachgewiesen. Nachweise von *Brucella* bei Schweinen gelangen mittels PCR (3,2 %), durch Antikörpernachweis (0,01 %) und auch mittels bakteriologischer Untersuchungen (0,3 %). *Brucella* wurde insgesamt bei 0,04 % der untersuchten Schweine isoliert (2015: 0,7 %). Sechs Bundesländer berichteten von Planproben von Schweinen, die 32 % der gesamten Untersuchungen ausmachten und sich als negativ erwiesen.

Bei Schafen wurden 36.676 Tiere untersucht, die sich als negativ erwiesen. Zehn Bundesländer berichteten von Planproben von Schafen, die 65 % der gesamten Untersuchungen ausmachten und negativ waren.

B. suis wurde bei Schweinen in weniger als 0,01 % der Proben (2015: 0,2 %) und bei Wildschweinen in 1,2 % der Proben (2015: 0,57 %) festgestellt. Bei Hasen wurde in keinem Fall *Brucella* isoliert (2015: 0,7 %).

Bei einem Hund wurde *B. canis* nachgewiesen. Bei Heim- und Zootieren wurde auch *B. microti* isoliert. Nachweise von *B. melitensis* wurden bei Tieren nicht berichtet (Tab. 4.7.1).

In der regionalen Darstellung der Untersuchungsergebnisse (Abb. 4.7.1) wird deutlich, dass die Nachweise von *B. suis* beim Wildschwein im Wesentlichen in zwei Ländern in der Mitte Deutschlands gelangen. Wegen der Anwendung von serologischen Untersuchungsverfahren wird in vielen Fällen nicht die *Brucella*-Spezies bestimmt. Zudem können Kreuzreaktionen mit *Yersinia* in einigen Fällen zu falsch positiven Ergebnissen führen.

4.7.3 Übergreifende Betrachtung

Nach wie vor deuten die *Brucella*-Nachweise bei Wildschweinen auf eine Infektionsgefahr für Nutztiere hin. Derzeit stellen aber Nutztiere keine Infektionsgefahr für die Brucellose beim Menschen in Deutschland dar.

4.7.4 Literatur

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

FLI (2017): Tiergesundheitsjahresbericht 2016. Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems, 167 S. (http://www.fli.bund.de)

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

Tab. 4.7.1 a): Tiere 2016 - *BRUCELLA* (Herden/Gehöfte)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden/Gehöfte untersucht	Pos.	%		Anmerkungen
*)	Länder						
Rinder, gesamt							
12 (16)	BW,BY,HB,HE,HH, MV,NI,NW,RP,SL, ST,TH	BRUCELLA	40080	3	0,01		1)–22)
Kälber							
6 (6)	NI,RP,SL,BW,MV, NW	BRUCELLA	144	0			11),18)
Milchrinder							
9 (10)	BY,RP,SL,ST,BW, HB,MV,NI,NW	BRUCELLA	27397	3	0,01		3),5),10),17), 20),21),23)
Schweine							
9 (13)	BW,HE,NI,NW,RP, ST,TH,BY,MV	BRUCELLA	631	4	0,63		1),4),6),7),9), 11),12),16)–19),22),24),25)
		B.SUIS	..	1	0,16		
Schafe							
11 (15)	BW,HE,HH,NI,NW, RP,SL,ST,TH,BY, MV	BRUCELLA	723	0			1),6)–9), 11)-13),15)–19),22),24),25))
Ziegen							
10 (14)	BW,HE,HH,NI,NW, RP,SL,ST,TH,MV	BRUCELLA	380	1	0,26		1),9),11),13), 15),16),18),19), 22), 24),25)
Pferde							
4 (4)	ST,TH,MV,NW	BRUCELLA	181	0			18),22),25)

Anmerkungen

1) BW: „Atypische *Brucella*“ wurden aus 2 Amphibien aus der Umgebung (Frosch) isoliert, sowohl aus dem Kot als auch aus Organen
2) BY: 2-malige Untersuchung der Betriebe pro Jahr
3) BY,NW: Exportuntersuchung
4) RP: Handelsuntersuchung
5) TH: Aborte
6) BW: mikroskopisch
7) BY: Krankheitsursache
8) BY: Todesursache
9) BY: Seuchenermittlung
10) HB,NI: Überwachung und Monitoring
11) NI: Stamp-Färbung
12) NI: Amtliche Abklärung
13) NW: Monitoring (Art.10-Erhaltung)
14) NW: Verkaufsuntersuchung
15) NW: z.B. Früherkennungssystem
16) NW: ELISA
17) NW: Sektionsbefunde
18) NW: Abortdiagnostik
19) ST: SLA, KBR, ELISA, Serologie
20) ST: ELISA, Serologie
21) BY: 2 x pro Jahr
22) HB,NI: Tankmilchuntersuchungen im Rahmen von Überwachung und Monitoring
23) NW: Monitoring (Art.10-Erhaltung), alle 3 Jahre
24) BW: Brucellose-Monitoring
25) ST: Serologie

Tab. 4.7.1 b): Tiere 2016 – *BRUCELLA* (Einzeltiere)

Quelle *)	Länder	Zoonosen-erreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
Rinder, gesamt							
16 (20)	BB,BE,BW,BY,HB, HE,HH,MV,NI,NW, RP,SH,SL,SN,ST, TH	BRUCELLA	608331	4	< 0,005		1)–12)
Kälber							
6 (6)	NI,RP,SL,BW,MV, NW	BRUCELLA	248	0			5),10)
Milchrinder							
5 (5)	RP,ST,BW,MV,NW	BRUCELLA	97051	3	< 0,005		9),11),12)
Schweine							
13 (17)	BB,BW,BY,HE,NI,	BRUCELLA	21742	8	0,04		1)-7),9),10),13),14)
	NW,RP,SH,SN,ST, TH,BE,MV	B.SUIS	..	1	< 0,005		
Schafe							
15 (19)	BW,BY,HE,HH,NI, NW,RP,SH,SL,SN, ST,TH,BB,BE,MV	BRUCELLA	35676	0			2)-6),9),10),13), 14)–16)
Ziegen							
14 (18)	BW,BY,HE,HH,NI, NW,RP,SL,SN,ST, TH,BB,BE,MV	BRUCELLA	6939	1	0,01		1)-5),10),13),14),16)
Pferde							
9 (10)	BW,BY,SH,SN,ST, TH,BB,MV,NW	BRUCELLA	2054	0			2),10),14),17)
Hund							
9 (12)	BW,HE,NW,RP,SH,	BRUCELLA	255	1	0,39		2),3),9)
	SN,ST,TH,BY	B.CANIS	..	1	0,39		
Katze							
3 (3)	SH,SN,ST	BRUCELLA	27	0			
Heim- & Zootiere, sonst							
9 (13)	BW,BY,HE,NI,NW,	BRUCELLA	1217	6	0,49		2),5),7),9),10),14),18)
	SN,ST,TH,MV	B.-OTHER	..	5	0,41		19)
		B.micro	..	1	0,08		19)
Wildschweine							
12 (15)	BW,BY,NI,NW,RP,	BRUCELLA	6539	765	11,70		5),9),13),14),21),22)
	SL,SN,ST,TH,BB, BE,MV	B.SUIS	..	78	1,19	100	14),22)
Hasen							
5 (8)	BW,BY,NI,NW,MV	BRUCELLA	277	0			5),18),23),24),25)
Wildtiere, sonst							
1 (1)	NI	BRUCELLA	83	0			5)
Tiere, sonst							
10 (12)	BW,BY,HE,NI,NW, RP,ST,BB,BE,MV	BRUCELLA	2353	1	0,04		9),18),25),26),27),28)

Anmerkungen

1) HE: nach Abklärung (serologisch und/oder diagnostische Tötung) *Brucella*-negativ
2) TH: Aborte
3) BW: mikroskopisch
4) HB,NI: Überwachung und Monitoring
5) NI: Stamp-Färbung
6) NI: amtliche Abklärung
7) NI: Handel und Eigenkontrolle
8) NW: ELISA, 10er-Pool oder Einzeluntersuchung
9) NW: Sektionsbefunde
10) NW: Abortdiagnostik
11) ST: SLA, KBR, ELISA, Serologie
12) ST: ELISA, Serologie
13) BW: Brucellose-Monitoring
14) ST: Serologie
15) NW: Rose-Bengal-Test
16) NW: Rose-Bengal-Test oder ELISA
17) BY: Zootiere
18) BY: Krankheitsursache
19) NW: *B. microti*
20) NW: Wildwiederkäuer Zoo
21) NW: Wildschweinmonitoring NRW, ELISA
22) ST: Monitoring
23) BY: AVV-Zoonosen-Stichprobenplan
24) BY: Seuchenermittlung
25) BY: Todesursache
26) RP: Damhirsch
27) RP: Kameliden
28) RP: Handelsuntersuchung

4.8 Chlamydophila

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“, BfR, Berlin

M. Hartung

4.8.1 Einleitung

Die Psittakose (Ornithose) ist eine Infektionskrankheit, die vom Bakterium *Chlamydia (Chlamydophila; Ch.) psittaci* hervorgerufen wird. Infektionen des Menschen können über das Einatmen von kontaminierten Aerosolen entstehen. Die Kontamination entstammt dabei den Ausscheidungen infizierter Vögel. Die Infektion erfolgt meist nach engem Kontakt mit infizierten Vögeln. Auch beim Geflügel werden Infektionen beschrieben, was ein berufsbedingtes Risiko für Tierhalter bedeutet. Die Infektion führt zu grippeähnlichen Krankheitserscheinungen bis hin zu Lungenentzündungen. Es wird vermutet, dass nicht alle Erkrankungsfälle als *Ch. psittaci*-Infektionen erkannt werden (Hoegwerf et al., 2017).

Dem RKI wurden 2016 neun Fälle von Ornithose bei Menschen gemeldet. Die Fälle stammten aus Brandenburg und Hessen (je 2 x) sowie aus Baden-Württemberg, Mecklenburg-Vorpommern, Nordrhein-Westfalen, Sachsen und Thüringen (je 1 x). Die Erkrankten waren zwischen 29 und 80 Jahren alt. Ein Patient ist gestorben. Die Infektionserreger wurden in acht Fällen nach Angaben der Patienten durch Vögel übertragen. Als Infektionsquelle berichtet wurden Taubenhaltung (4 x), Zwergpapageienhaltung (1 x) und ein Kontakt zu Nistkästen von Wildvögeln (RKI, 2017).

4.8.2 *Chlamydophila*-Nachweise bei Tieren

Bei Tieren spielen insbesondere die Spezies *Ch. abortus* (bei Wiederkäuern) und *Ch. psittaci* (bei Vögeln) eine Rolle.

4.8.2.1 Mitteilungen der Länder über *Chlamydia*-Befunde bei Untersuchungen bei Tieren in Deutschland

In Tab. 4.8.1 sind die Mitteilungen der Länder über Nachweise von *Chlamydophila* bei Tieren für 2016 zusammengefasst. Angaben über die beteiligten *Chlamydophila*-Spezies werden häufig nicht gemacht.

Vögel

Über die Untersuchungen von Psittaciden wurden von zwölf Ländern Mitteilungen gemacht. Die Nachweisrate bei Herden hat sich auf 8,0 % erhöht (2015: 2,7 %). Die Ergebnisse der Einzeltieruntersuchungen von Psittaciden zeigten ebenfalls einen Anstieg auf 8,3 % (2015: 2,7 %), wobei in vielen Fällen *Ch. psittaci* bestimmt wurde.

Auch Reise- und Zuchttauben wurden 2016 auf *Chlamydophila* untersucht, wobei die Nachweisrate bei Einzeltieren leicht auf 16,4 % (2015: 14,6 %) angestiegen ist und in vielen Fällen *Ch. psittaci* nachgewiesen werden konnte. In einem Viertel der untersuchten Bestände wurden Chlamydien nachgewiesen.

Bei Heimvögeln wurde *Chlamydophila* in 4,2 % der Untersuchungen nachgewiesen (2015: negativ). *Ch. psittaci* wurde auch bei Wildvögeln und bei verwilderten Tauben nachgewiesen.

Auch in Herden von Hühner und bei Einzeltieren aus den Herden wurde *Chlamydophila* nachgewiesen (8,2 % bzw. 13,7 %; 2015: 21,1 % bzw. 13,7 %).

Säugetiere

Bei Rindern wurden Herden und Einzeltiere seltener untersucht als im Vorjahr. Die Nachweisrate von *Chlamydophila* ist bei Herden auf 12,6 % (2015: 2,0 %) und in Einzeltieruntersuchungen hingegen auf 17,6 % (2015: 13,7 %) angestiegen. Dabei wurde unter anderem *Ch. abortus* isoliert. *Chlamydophila*, u. a. *Ch. abortus* und *Ch. psittaci,* wurden auch bei Schafen gefunden (Herden: 4,5 %; 2015: 1,6 %).

Bei Schweinen wurde *Chlamydophila* in 24,4 % der Herden nachgewiesen und in 27,2 % der einzelnen Schweine (2015: 30,1 % bzw. 20,4 %).

4.8.3 Übergreifende Betrachtung

Chlamydophila spp. sind bei vielen Vogelarten und Nutztieren in Deutschland verbreitet. *Ch. psittaci* wurde bei Nutz-, Heim- und Wildvögeln isoliert. *Ch. psittaci* wurde nicht von Rindern und nur in einem Fall bei Schafen berichtet. Den häufigen Nachweisen bei Vögeln stehen relativ wenige gemeldete menschliche Erkrankungen an Ornithose durch *Ch. psittaci* gegenüber (9 Fälle; RKI, 2017). Allerdings ist unklar, wie viele Erkrankungen nicht als Chlamydiose erkannt werden (Hogerwerf et al., 2017a). Die Diagnose bzw. Mitteilung der Untersuchungsergebnisse von Tieren erfolgt in den meisten Fällen nur für das Genus *Chlamydophila*. Infektionen des Menschen können nach wie vor insbesondere über Vögel übertragen werden. Da die Erreger der Ornithose aerogen übertragen werden, kann eine Infektion des Menschen durch Vögel auch ohne direkten Kontakt erfolgen. Auch über eingetrockneten Vogelkot ist eine Übertragung möglich (Becker, 2002). Hinweise für eine aerogene Übertragung von *Ch. psittaci* im Umfeld von Geflügelhaltungen gibt es aber aufgrund der geringen gemeldeten Erkrankungszahl nicht (Hogerwerf et al., 2017b). 2016 wurde bei acht der neun an das RKI übermittelten Ornithosefälle ein Kontakt zu Vögeln (Enten, Gänse, Papageien, Wellen-/Nyphensittichen, Wildvögel) angegeben (RKI, 2017).

4.8.4 Literatur

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

Becker, W. (2002): Zoonosen-Fibel. H. Hoffmann Verlag Berlin, 5. Auflage, 264 S.

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

Hogerwerf L, de Gier, B, Baan B, van der Hoek, W (2017) *Chlamydia psittaci* (psittacosis) as a cause of community-acquired pneumonia: a systematic review and meta-analysis. Epidemiol Infect 145: 3096–3105

Hogerwerf L, Holstege MMC, Beninca E, Dijkstra F, Van Der Hoek W (2017) Temporal and spatial analysis of psittacosis in association with poultry farming in the Netherlands, 2000–2015. BMC Infect Dis 17: 519

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

Tab. 4.8.1 a): Tiere 2016 – *CHLAMYDOPHILA* (Herden/Gehöfte)

Quelle *)	Länder	Zoonosenerreger	Herden/Gehöfte untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
Hühner							
6 (6)	BY,ST,TH,BW,	CHLAMYDIA	146	20	13,70		1),2)
	MV,NW	CHL.PSITTACI	..	1	0,68		
Enten							
3 (3)	BW,ST,TH	CHLAMYDIA	17	0			3)
Puten/Truthühner							
5 (5)	ST,TH,BW,MV, NW	CHLAMYDIA	19	1	5,26		2)
Nutzgeflügel, sonst							
1 (1)	ST	CHLAMYDIA	12	0			
Reise-, Zuchttauben							
6 (6)	BY,RP,ST,TH,	CHLAMYDIA	68	17	25,00		1)
	BW,NW	CHL.PSITTACI	..	9	13,24		1)
Psittacidae (Papageien, Sittiche)							
8 (8)	BY,RP,ST,TH,	CHLAMYDIA	251	20	7,97		1),4)
	BW,MV,NI,NW	CHL.PSITTACI	..	9	3,59		1)
Heimvögel, sonst							
7 (7)	BY,RP,ST,TH, BW,MV,NW	CHLAMYDIA	31	0			1)
Zoovögel							
6 (6)	BY,RP,ST,BW,	CHLAMYDIA	67	5	7,46		1),5)
	MV,NW	C., sp.	..	1	1,49		5)
Rinder, gesamt							
9 (12)	BW,BY,HE,	CHLAMYDIA	755	95	12,58		2)-4),6)-9)
	NW,RP,ST,TH, MV,NI	CHL.ABORTUS	..	11	1,46	100	
Kälber							
5 (5)	RP,ST,BW,MV, NI	CHLAMYDIA	65	10	15,38		2),4)
Milchrinder							
4 (4)	ST,BW,MV,NW	CHLAMYDIA	123	13	10,57		
		CHL.ABORTUS	..	10	8,13	100	
Schweine							
7 (7)	BW,BY,HE,RP, ST,MV,NW	CHLAMYDIA	308	75	24,35		2),3),8)
Schafe							
9 (10)	BW,BY,HE,RP,	CHLAMYDIA	179	49	27,37		3),4),8),9),10)
	ST,TH,MV,NI,	CHL.ABORTUS	..	8	4,47		
	NW	CHL.PSITTACI	..	1	0,56		
Ziegen							
6 (7)	BW,HE,RP,ST, TH,NI	CHLAMYDIA	61	9	14,75		3),4),8),9),10)
Pferde							
6 (6)	HE,RP,ST,MV, NI,NW	CHLAMYDIA	35	1	2,86		4)
Zootiere							
5 (5)	BW,ST,TH,NI, NW	CHLAMYDIA	20	0			4),9)

Anmerkungen

1) BY: Test weist auch *Cl. psittaci* nach.
2) MV: keine weitere Typisierung möglich
3) BW: Genutze *Chlamydia*-PCR ist gattungsspezifisch.
4) NI: Stamp-Färbung
5) BW: laut Sequenzierung neue *Chlam.*-Spezies
6) BY: Exportuntersuchung
7) RP: Handelsuntersuchung
8) BW: mikroskopisch
9) ST: Serologie, ELISA
10) HE: KBR

Tab. 4.8.1 b): Tiere 2016 – *CHLAMYDOPHILA* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
*)	Länder						
Hühner							
11 (12)	BY,HE,HH,NI,	CHLAMYDIA	305	25	8,20		1),2)
	NW,SL,SN,ST, TH,BW,MV	CHL.PSITTACI	..	2	0,66		
Enten							
5 (5)	NI,SN,ST,TH, BW	CHLAMYDIA	23	0			
Puten/Truthühner							
6 (6)	NI,ST,TH,BW, MV,NW	CHLAMYDIA	100	1	1,00		2)
Nutzgeflügel, sonst							
5 (5)	BW,HE,NW,SN, ST	CHLAMYDIA	44	0			
Reise-, Zuchttauben							
7 (11)	BW,BY,NW,RP,	CHLAMYDIA	146	24	16,44		1),3)
	SN,ST,TH	CHL.PSITTACI	..	17	11,64	100	1)
Psittacidae (Papageien, Sittiche)							
12 (17)	BW,BY,HE,NI,	CHLAMYDIA	470	39	8,30		1),4),5)
	NW,RP,SH,SN, ST,TH,HH,MV	CHL.PSITTACI	..	29	6,17	100	1),4)
Heimvögel, sonst							
10 (14)	BW,BY,HE,NW,	CHLAMYDIA	95	4	4,21		1)
	RP,SH,SN,ST, TH,MV	CHL.PSITTACI	..	4	4,21		
Zoovögel							
10 (12)	BW,BY,HE,NI,	CHLAMYDIA	218	8	3,67		1),2),6)
	NW,RP,SH,SN,	CHL.AVIUM	..	1	0,46		
	ST,MV	C., sp.	..	1	0,46		6)
Wildvögel							
10 (12)	BW,BY,HE,HH, NI,SN,ST,TH, MV,NW	CHLAMYDIA	143	1	0,70		5)
Verwilderte Tauben							
5 (7)	BW,HE,NI,BY,	CHLAMYDIA	20	2	10,00		1)
	NW	CHL.PSITTACI	..	2	10,00		
Rinder, gesamt							
12 (19)	BW,BY,HE,NW,	CHLAMYDIA	8125	1428	17,58		2),5),7),8),9)
	RP,SH,SL,SN, ST,TH,MV,NI	CHL.ABORTUS	..	24	0,30	100	
Kälber							
6 (6)	BW,RP,ST,MV, NI,NW	CHLAMYDIA	144	12	8,33		2),5)
Milchrinder							
5 (5)	BY,ST,BW,MV,	CHLAMYDIA	558	25	4,48		
	NW	CHL.ABORTUS	..	22	3,94	100	
Schweine							
9 (13)	BW,BY,HE,NI, NW,RP,SH,ST, MV	CHLAMYDIA	3684	1002	27,20		2),7),8)
Schafe							
12 (19)	BW,BY,HE,HH,	CHLAMYDIA	1121	258	23,02		5),7),8),9)
	NI,NW,RP,SH,	CHL.ABORTUS	..	19	1,69	95,00	
	SN,ST,TH,MV	CHL.PSITTACI	..	1	0,09	5,00	
Ziegen							
9 (16)	BW,BY,HE,NI, NW,RP,SN,ST, TH	CHLAMYDIA	288	21	7,29		5),7),8),9)
Pferde							
9 (9)	BW,BY,HE,NI, RP,SN,ST,MV, NW	CHLAMYDIA	70	1	1,43		5)

Fortsetzung Tab. 4.8.1 b): Tiere 2016 – *CHLAMYDOPHILA* (Einzeltiere)

Quelle *)	Länder	Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
Hund							
6 (8)	BW,HE,NW,SH, SN,ST	CHLAMYDIA	68	3	4,41		8)
Katze							
10 (12)	BW,BY,HE,NI, NW,RP,SH,SN, ST,TH	CHLAMYDIA	134	2	1,49		
Zootiere							
8 (11)	BW,BY,HE,NI, NW,SN,ST,TH	CHLAMYDIA	141	1	0,71		5),9),10)
Wild-Wiederkäuer, sonst							
1 (1)	BW	CHLAMYDIA	177	5	2,82		
Wildschweine							
1 (1)	BW	CHLAMYDIA	349	6	1,72		
Wildtiere, sonst							
1 (1)	NI	CHLAMYDIA	149	0			5)
Tiere, sonst							
9 (11)	BY,HE,HH,NI, NW,SH,SN,TH, BW	CHLAMYDIA	81	1	1,23		11),12)

Anmerkungen

1) BY: Test weist auch *Cl. psittaci* nach.
2) MV: keine weitere Typisierung möglich
3) NW: Ziervögel werden auf *Chlamydia psittaci* getestet, Nutzgeflügel sowie weitere Tiere auf *Chlamydia* spp.
4) MV: 1 xkeine weitere Typisierung möglich
5) NI: Stamp-Färbung
6) BW: laut Sequenzierung neue *Chlamydia*-Spezies
7) BW: Genutze *Chlamydia*-PCR ist gattungsspezifisch
8) BW: mikroskopisch
9) ST: Serologie, ELISA
10) HE: KBR
11) TH: Alpaka (Fetus)
12) TH: Alpaka (Cervixtupfer)

4.9 Coxiella burnetii

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“, BfR, Berlin

M. Hartung

4.9.1 Einleitung

Q-Fieber wird durch das Bakterium *Coxiella burnetii* verursacht, das sich innerhalb von Zellen ansiedelt. Zecken spielen eine wichtige Rolle im Infektionskreislauf bei Wild- und Nutztieren. Die Übertragung auf den Menschen erfolgt in der Regel auf dem Luftweg über die erregerbelasteten getrockneten Ausscheidungen (insbesondere Geburtsprodukte) infizierter Haus- und Nutztiere sowie durch die Schafschur, wobei infektiöser Zeckenkot verteilt werden kann. Q-Fieber beim Menschen wurde 2016 in 275 Fällen (0,3 Erkrankungen je 100.000 Einwohner) an das RKI gemeldet, das ist ein Rückgang um 15 %. Typisch für das Auftreten von Q-Fieber sind Ausbruchsgeschehen, die mit dem Kontakt zu Nutztieren in Verbindung stehen. So wurde der größe Ausbruch 2016 mit infizierten Schafherden in Verbindung gebracht. 54 % der Erkrankungsfälle konnten 2016 Ausbruchsgeschehen zugeordnet werden (RKI, 2017).

Q-Fieber ist auch eine meldepflichtige Tierkrankheit. 2016 wurden dem FLI insgesamt 209 Ausbrüche in Tierbeständen gemeldet (FLI, 2017). Die Bedeutung von Lebensmitteln bei der Übertragung von *Coxiella burnetii* auf den Menschen ist nach wie vor nicht abschließend geklärt. Die Diagnostik von Q-Fieber in betroffenen Herden von Wiederkäuern besteht in einer Kombination serologischer und molekularbiologischer Untersuchungen (Sidi-Boumedine et al., 2010).

4.9.2 Coxiella burnetii bei Tieren

4.9.2.1 Mitteilungen der Länder über *Coxiella burnetii*-Nachweise bei Untersuchungen von Tieren in Deutschland

In den Mitteilungen der Länder an das BfR wurden Untersuchungen von Schafherden von zehn Ländern (2015: zehn Länder) berichtet (Tab. 4.9.1). Bei Schafen lag die Nachweisrate für *Coxiella burnetii* niedriger als im Vorjahr mit 6,7 % der Herden (2015: 16,8 %; Tab. 4.9.1). Auch in den bakteriologischen Untersuchungen der Einzeltiere wurde *Coxiella burnetii* mit 3,7 % vermindert festgestellt (2015: 16,6 % Tab. 4.9.1). Antikörper gegen *Coxiella burnetii* wurden mit 5,0 % positiven Schafen (2015: 7,5 %) ebenfalls seltener festgestellt (Tab. 4.9.1). Bei molekularbiologischen Untersuchungen wurden mit 34,4 % positiven Befunden bei Einzeltieren auch gegenüber dem Vorjahr eine leicht verminderte Nachweisrate erzielt (2015: 42,6 %; Tab. 4.9.1).

Der Anteil positiver Nachweise von *Coxiella burnetii* bei Rinderherden lag bei 19,7 % (2015: 16,9 %). Bei den Einzeltieruntersuchungen der Rinder wurden in 20,1 % der untersuchten Tiere Antikörper gegen *Coxiella burnetii* festgestellt, deutlich mehr als im Vorjahr (2015: 7,5 %).

Positive Befunde von Ziegen wurden aus zehn Ländern und 6,6 % der untersuchten Herden mitgeteilt (2015: 9,0 %). Mittels bakteriologischer Methoden wurde *Coxiella burnetii* in 1,3 % der untersuchten einzelnen Ziegen festgestellt (2015: 1,9 %), Antikörper wurden dagegen bei 21,6 % der Ziegen gegen *Coxiella burnetii* festgestellt, deutlich häufiger als 2015 (3,4 %). Bei Wildtieren waren in 0,6 % der Proben positive Nachweise möglich. Ein Land berichtete von

Planproben, die 76 % der gesamten Untersuchungen ausmachten und zu 0,6 % positiv waren.

4.9.3 Übergreifende Betrachtung

Bei Rindern, Schafen und Ziegen sind auch 2016 unterschiedliche, teils hohe Nachweisraten von *Coxiella burnetii* mit den verschiedenen Untersuchungsverfahren berichtet worden. Dies deckt sich mit Erfahrungen aus anderen europäischen Staaten (Gache et al., 2017). Erkrankungen des Menschen treten häufig in Form von Ausbrüchen auf, die meist auf infizierte Nutztierbestände zurückzuführen sind. Dabei spielt auch die Übertragung über Aerosole aus Stallungen eine bedeutende Rolle (van der Hoek et al., 2011; Kersh et al., 2013). Lebensmittel werden nach wie vor als sehr unwahrscheinlicher Übertragungsweg angesehen (Cisak et al., 2017). Zwar gibt es Berichte über Serokonversion beim Menschen nach dem Verzehr kontaminierter Rohmilch, nicht aber Berichte über Erkrankungen des Menschen (EFSA, 2010).

4.9.4 Literatur

Zu beachten: www.bfr.bund.de/cd/299: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

Cisak, E., V. Zajac, J. Sroka et al. (2017): Presence of pathogenic rickettsiae and protozoan in samples of raw milk from cows, goats, and sheep. Foodborne Pathog Dis 14: 189–194

EFSA Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) (2010): Scientific opinion on Q fever. EFSA Journal 8 (5): 1595. [114 pp.]. doi:10.2903/j.efsa.2010.1595

FLI (2017): Tiergesundheitsjahresbericht 2016. Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems, 167 S. (http://www.fli.bund.de)

Gache, K., E. Rousset, J. B. Perrin et al. (2017): Estimation of the frequency of Q fever in sheep, goat and cattle herds in France: results of a 3-year study of the seroprevalence of Q fever and excretion level of *Coxiella burnetii* in abortive episodes. Epidemiol Infect 145: 3131–3142

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

Kersh, G. J., K. A. Fitzpatrick, J. S. Self et al. (2013): Presence and persistence of *Coxiella burnetii* in the environments of goat farms associated with a Q fever outbreak. Appl Environ Microbiol 79: 1697–1703

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

Sidi-Boumedine, K., E. Rousset, K. Henning, M. Ziller, K. Niemczuck, H. I. J. Roest, R. Thiéry (2010): Development of harmonised schemes for the monitoring and reporting of Q-fever in animals in the European Union. Scientific report submitted to EFSA. https://efsa.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.2903/sp.efsa.2010.EN-48

Van Der Hoek, W., J. C. Meekelenkamp, F. Dijkstra et al. (2011): Proximity to goat farms and *Coxiella burnetii* seroprevalence among pregnant women. Emerg Infect Dis 17: 2360–2363

Tab. 4.9.1 a): Tiere 2016 – *COXIELLA BURNETII*[1] (Herden/Gehöfte)

Quelle		Zoonosenerreger	Herden/ Gehöfte untersucht	Pos.	%		Anmerkungen
*)	Länder						
Rinder, gesamt							
10 (11)	BW,BY,HE,MV,NI, NW,RP,SL,ST,TH	COXIELLA BURNETII	991	195	19,68		1),2),3),4),5),6), 7)
Kälber							
5 (5)	BW,MV,NI,RP,ST	COXIELLA BURNETII	33	3	9,09		6)
Milchrinder							
5 (5)	BW,MV,NW,RP,ST	COXIELLA BURNETII	84	35	41,67		
Schweine							
1 (1)	BY	COXIELLA BURNETII	28	0			3),5)
Schafe							
10 (10)	BW,BY,HE,MV,NI, NW,RP,SH,ST,TH	COXIELLA BURNETII	361	23	6,37		1),3),4),5),7),8)
Ziegen							
7 (8)	BW,HE,NI,NW,RP, ST,TH	COXIELLA BURNETII	61	4	6,56		1),7)

Anmerkungen
1) BW: mikroskopisch
2) BW: Immunfluoreszenz
3) BY: Krankheitsursache
4) BY: Seuchenermittlung
5) BY: Todesursache
6) NI: Stamp-Färbung
7) ST: Serologie, ELISA
8) HE: KBR

Tab. 4.9.1 b): Tiere 2016 – *COXIELLA BURNETII* (Einzeltiere)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%		Anmerkungen
*7)	Länder						
Bakteriologische und kulturelle Untersuchungen Rinder, gesamt							
3 (3)	BW,NI,ST	COXIELLA BURNETII	202	4	1,98		1),2)
Milchrinder							
1 (1)	ST	COXIELLA BURNETII	10	0			
Schafe							
4 (4)	BW,HE,NI,ST	COXIELLA BURNETII	75	6	8,00		2)
Ziegen							
2 (2)	BW,ST	COXIELLA BURNETII	8	0			2)
Wildtiere							
1 (1)	NI	COXIELLA BURNETII	149	0			1)

Anmerkungen
1) NI: Stamp-Färbung
2) BW: mikroskopisch

[1] Vgl. Erläuterungen unter Methoden (cf. methods).

Tab. 4.9.1 c): Tiere 2016 – *COXIELLA BURNETII* (Einzeltiere)

Quelle6 *)	Länder	Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%		Anmerkungen
Serologische Untersuchungen Rinder, gesamt							
10 (14)	BW,BY,HE,MV,NI,NW, RP,SN,ST,TH	COXIELLA BURNETII	10856	2170	19,99		1),2),3),4)
Kälber							
2 (2)	MV,RP	COXIELLA BURNETII	3	1	33,33		
Milchrinder							
3 (3)	BW,MV,NW	COXIELLA BURNETII	664	198	29,82		
Schafe							
9 (13)	BW,BY,HE,MV,NI,NW, RP,SN,ST	COXIELLA BURNETII	1555	70	4,50		2),3),4)
Ziegen							
8 (13)	BW,BY,HE,NI,NW,RP, SN,ST	COXIELLA BURNETII	946	204	21,56		3),4),5)
Zootiere							
4 (5)	BY,NW,SN,ST	COXIELLA BURNETII	79	1	1,27		3),6),7)
Wildtiere							
2 (2)	BW,BY	COXIELLA BURNETII	527	3	0,57		
Tiere, sonst							
2 (3)	BY,HE	COXIELLA BURNETII	27	0			

Anmerkungen
1) NI: Handel und Eigenkontrolle
2) NW: z.B. Früherkennungssystem
3) NW: ELISA
4) ST: Serologie, ELISA
5) NW: Grund: sonst. Untersuchungen
6) BY: Bestandsmonitoring
7) ST: Zebu: Serologie, ELISA

Tab. 4.9.1 d): Tiere 2016 - *COXIELLA BURNETII* (Einzeltiere)

Quelle *)	Länder	Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%		Anmerkungen
Molekularbiologische Untersuchungen v.a. PCR Rinder, gesamt							
12 (15)	BW,BY,HE,MV,NI,NW, RP,SH,SL,SN,ST,TH	COXIELLA BURNETII	2337	173	7,40		
Kälber							
4 (5)	BW,MV,NW,RP	COXIELLA BURNETII	83	7	8,43		
Milchrinder							
4 (4)	BW,BY,NW,RP	COXIELLA BURNETII	176	23	13,07		
Schweine							
1 (1)	BY	COXIELLA BURNETII	47	0			
Schafe							
9 (13)	BW,BY,HE,MV,NI,NW, RP,SN,TH	COXIELLA BURNETII	1311	451	34,40		
Ziegen							
8 (10)	BW,BY,HE,NI,NW,RP, SN,TH	COXIELLA BURNETII	119	0			
Pferde							
4 (4)	BY,NI,NW,SN	COXIELLA BURNETII	35	0			
Zootiere							
7 (10)	BW,BY,HE,MV,NW, SN,TH	COXIELLA BURNETII	77	4	5,19		1),2),3)
Wildtiere							
4 (6)	BW,NI,NW,SH	COXIELLA BURNETII	12	0			
Tiere, sonst							
3 (3)	BY,HE,SN	COXIELLA BURNETII	15	0			

Anmerkungen
1) MV: 2 xRentier
2) MV: 1 xSchaf, 1 xZiege, 1 xWisent, 1 xLama
3) NW: TH: Yak

4.10 Staphylococcus aureus

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“ sowie dem NRL für Koagulase-positive Staphylokokken einschl. *Staphylococcus aureus* (NRL-Staph)

B.-A. Tenhagen, A. Käsbohrer, A. Fetsch, M. Hartung

4.10.1 Einleitung

Staphylokokken besiedeln Haut und Schleimhäute des Nasen-Rachen-Raumes beim Menschen und bei Tieren. *Staphylococcus (S.) aureus* ist die Staphylokokken-Spezies, die eine Vielzahl von Erkrankungen des Menschen auslösen kann, von Wundinfektionen bis hin zur Lungenentzündung und Septikämien.

Erkrankungen des Menschen können von *S. aureus* entweder direkt durch Infektionen hervorgerufen werden oder indirekt als Intoxikation über von *S. aureus* im Lebensmitteln gebildete hitzestabile Enterotoxine. Intoxikationen durch den Verzehr von mit *S. aureus* bzw. Staphylokokken-Enterotoxinen kontaminierten Lebensmitteln zählen in Deutschland und der EU zu den häufigsten Ursachen lebensmittelbedingter Ausbrüche durch Toxine (vgl. Kap. 4.1 und EFSA, 2014).

Eine besondere Bedeutung haben Stämme von *S. aureus*, die eine Resistenz gegen sämtliche Beta-Laktam-Antibiotika (Penicilline und Cephalosporine) aufweisen, sogenannte MRSA. Sie spielen weltweit eine große Rolle als Verursacher von z. T. schwerwiegenden Krankenhausinfektionen. Gesunde Menschen können Träger von MRSA sein, wobei eine Besiedelung der Hauptrisikofaktor für eine Infektion ist. Bei Infektion einer Wunde mit MRSA können lokale (oberflächliche), tiefgehende oder systemische Krankheitserscheinungen auftreten. Seit dem 01. Juli 2010 ist der Nachweis von MRSA in Blutkulturen nach dem IfSG meldepflichtig. 2016 wurden dem RKI 3.136 Fälle von invasiven MRSA-Infektionen berichtet, was einen Rückgang um 4,4 % bedeutet. Die Inzidenz betrug 3,8 Fälle je 100.000 Einwohner. Die MRSA-Nachweise stammten zu 99 % aus Blutkulturen, bei 1,1% wurde MRSA auch aus dem Liquor isoliert. Es gab 196 Todesfälle unter Beiteiligung von invasiven MRSA-Infektionen (RKI, 2017).

MRSA werden auch bei Heim- und Nutztieren nachgewiesen (Hartung et al., 2016). Während bei Heimtieren überwiegend ähnliche Stämme wie bei Menschen nachgewiesen werden, hat sich bei Nutztieren ein spezifischer Typ von MRSA ausgebreitet, der als „Multilocus-Sequenztyp (ST) 398“ beschrieben wird und dem klonalen Komplex (CC) 398 angehört. Dieser auch als livestock associated MRSA (LA-MRSA) bezeichnete Typ tritt insbesondere bei Schweinen, Kälbern und Geflügel auf. In Deutschland bestehen hinsichtlich der Bedeutung der LA-MRSA beim Menschen regionale Unterschiede, die mit der Intensität der Nutztierhaltung assoziiert sind. Während in Gebieten mit geringer Tierhaltungsdichte LA-MRSA eine geringe Bedeutung haben, treten sie in Gebieten mit intensiver Tierhaltung häufiger auf (Köck et al., 2013). Dabei ist der berufliche Kontakt zu Nutztieren der Hauptrisikofaktor für eine Besiedlung (Bisdorff et al., 2012).

MRSA gehören nicht zu den überwachungspflichtigen Zoonosenerregern, die im Anhang I Teil A der Richtlinie 2003/99/EG genannt sind. Die EFSA empfiehlt den Mitgliedstaaten der EU aber, das Vorkommen von MRSA beim Menschen und bei Tieren, die für die Lebensmittelerzeugung verwendet werden, systematisch zu überwachen, um Tendenzen bei der Ausbreitung und Entwicklung zoonotisch erworbener MRSA zu identifizieren (EFSA, 2012).

4.10.2 Mitteilungen der Länder über Nachweise von *Staphylococcus*-Enterotoxinen bei der Lebensmittelüberwachung in Deutschland

In 2016 wurden insgesamt wenige Untersuchungen auf *Staphylococcus*-Enterotoxine berichtet (vgl. Tab. 4.10.1). Zweistellige Untersuchungszahlen wurden für Tupferproben in Lebensmittel-Betrieben bei Planproben berichtet, wobei in 37 % der Planproben Nachweise möglich waren und die Enterotoxine A, B, D, E gefunden werden konnten. Daneben konnte in einer Probe von gemischtem Hackfleisch (Rind/Schwein) Enterotoxin E festgestellt werden. In Anlassproben (vgl. Tab. 4.10.2) wurden Enterotoxine auch bei Fertiggerichten sowie bei sonstigen Lebensmitteln (hier auch die Enterotoxine A und B) nachgewiesen.

Tab. 4.10.1: Lebensmittel-Planproben 2016 – *Staphylococcus*-Enterotoxine

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-	
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)	
Hackfleisch, gemischt (Rind/Schwein)									
1 (1)	MV	STAPH.-ENTEROTOXINE	1	1	100				
		STAPH.-ENTEROTOXIN E	..	1	100				
Hackfleischzubereitungen									
1 (1)	NW	STAPH.-ENTEROTOXINE	5	0					
Fische, Meerestiere und Erzeugnisse, gesamt									
1 (1)	NW	STAPH.-ENTEROTOXINE	5	0					
Fische und Zuschnitte									
1 (1)	NW	STAPH.-ENTEROTOXINE	5	0					
Rohmilch-Weichkäse									
1 (1)	NW	STAPH.-ENTEROTOXINE	5	0					
Käse, andere									
2 (2)	HH,SN	STAPH.-ENTEROTOXINE	6	0					
Milchprodukte, andere									
2 (2)	HH,SN	STAPH.-ENTEROTOXINE	17	0					
Feinkostsalate, unspezifiziert									
1 (1)	NW	STAPH.-ENTEROTOXINE	2	0					
Fertiggerichte									
2 (2)	NI,NW	STAPH.-ENTEROTOXINE	5	0					
Tupferproben in Lebensmittel-Betrieben									
2 (2)	BW,BY	STAPH.-ENTEROTOXINE	19	7	36,84		±21,69	15,15–58,53	
		STAPH.-ENTEROTOXIN E	..	5	26,32	33,33	±19,80	6,52–46,12	
		STAPH.-ENTEROTOXIN A	..	4	21,05	26,67	±18,33	2,72–39,38	
		STAPH.-ENTEROTOXIN D	..	4	21,05	26,67	±18,33	2,72–39,38	
		STAPH.-ENTEROTOXIN B	..	2	10,53	13,33	±13,80	0,00–24,33	
		Mehrfachisolate (add.isol.)							

Tab. 4.10.2: Lebensmittel-Anlassproben 2016 – *Staphylococcus*-Enterotoxine

Quelle		Zoonosenerreger	unters.	Pos.	%	%r	Abwei-	Konfidenz-
*)	Länder		Proben				chung	intervall (%)
Fleisch ohne Geflügel, gesamt								
1 (2)	NW	STAPH.-ENTEROTOXINE	6	0				
Rindfleisch								
1 (1)	NW	STAPH.-ENTEROTOXINE	5	0				
Hackfleischzubereitungen								
3 (3)	NW,RP, SL	STAPH.-ENTEROTOXINE	3	0				
Hitzebehandelte Fleischerzeugnisse								
2 (3)	NW,RP	STAPH.-ENTEROTOXINE	13	0				
Anders stabilisierte Fleischerzeugnisse								
2 (3)	NW,RP	STAPH.-ENTEROTOXINE	8	0				
Geflügelfleisch, gesamt								
1 (1)	RP	STAPH.-ENTEROTOXINE	2	0				
Fleisch v. Masthähnchen								
1 (1)	RP	STAPH.-ENTEROTOXINE	2	0				
Fleischerzeugnisse mit Geflügelfleisch								
2 (2)	NW,RP	STAPH.-ENTEROTOXINE	11	0				
Fische, Meerestiere und Erzeugnisse, gesamt								
2 (2)	NW,RP	STAPH.-ENTEROTOXINE	9	0				
Fische und Zuschnitte								
2 (2)	NW,RP	STAPH.-ENTEROTOXINE	2	0				
Fisch, hitzebehandelt								
2 (2)	NW,RP	STAPH.-ENTEROTOXINE	4	0				
Fisch, anders haltbar gemacht								
1 (1)	NW	STAPH.-ENTEROTOXINE	3	0				
Schalen-, Krusten-, ähnliche Tiere und Erzeugnisse								
1 (1)	RP	STAPH.-ENTEROTOXINE	3	0				
Milch, UHT, sterilisiert oder gekocht								
3 (3)	BY,RP,SN	STAPH.-ENTEROTOXINE	9	0				
Milchprodukte, ohne Rohmilch								
2 (2)	NW,RP	STAPH.-ENTEROTOXINE	7	0				
Käse, andere								
3 (3)	BY,NW, SN	STAPH.-ENTEROTOXINE	5	0				
Milchprodukte, andere								
2 (2)	BY,SN	STAPH.-ENTEROTOXINE	2	0				
Feine Backwaren								
2 (2)	NW,RP	STAPH.-ENTEROTOXINE	4	0				
Feinkostsalate, unspezifiziert								
1 (1)	NW	STAPH.-ENTEROTOXINE	3	0				
Fertiggerichte								
4 (7)	BY,MV, NW,RP	STAPH.-ENTEROTOXINE	112	1	0,89		±1,74	0,00–2,64
Soßen, Dressings								
1 (1)	RP	STAPH.-ENTEROTOXINE	5	0				
Kinder-, Diätnahrung								
1 (1)	NW	STAPH.-ENTEROTOXINE	4	0				
Salate								
1 (1)	NW	STAPH.-ENTEROTOXINE	2	0				
Lebensmittel, sonst								
2 (2)	HE,BY	STAPH.-ENTEROTOXINE	10	3	30,00		±28,40	1,60–58,40
		STAPH.-ENTEROTOXIN A	..	3	30,00		±28,40	1,60–58,40
		STAPH.-ENTEROTOXIN B	..	3	30,00		±28,40	1,60–58,40
		Mehrfachisolate (add.isol.)						

4.10.3 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* in Lebensmitteln

4.10.3.1 Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016

Frisches Hähnchenfleisch wies eine Kontaminationsrate mit MRSA-verdächtigen *S. aureus* von 13,0 % auf. Frisches Putenfleisch war mit 44,5 % positiver Proben deutlich häufiger mit MRSA-verdächtigen *S. aureus* kontaminiert.

Tab. 4.10.3: Prävalenz von MRSA-verdächtigen *S. aureus* in Proben von frischem Hähnchen und Putenfleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen) 2016

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-verdächtige Proben (n)	MRSA-verdächtige Proben (n) (in %) (95% Konfidenzintervall)
Frisches Hähnchenfleisch (ohne Haut)	422	55	13,0 (10,1–16,6)
Frisches Putenfleisch (ohne Haut)	458	204	44,5 (40,1–49,1)

Zu den meisten positiven Befunden wurde ein entsprechendes Isolat an das Nationale Referenzlabor für Koagulase-positive Staphylokokken einschließlich *Staphylococcus aureus* am BfR eingesandt. Wie in den vergangenen Jahren war dies aber nicht zu jedem positiven Befund der Fall. Umgekehrt wurden auch zu einzelnen Isolaten keine Daten an das BVL übermittelt. Dadurch stimmt die Zahl der Isolate nicht mit der Anzahl der positiven Befunde überein. Von den zur Bestätigung eingesandten und untersuchten 268 MRSA-verdächtigen Isolaten wurden 33 (12,3 %) nicht als MRSA bestätigt. In allen Fällen handelte es sich um *S. aureus,* die kein *mec*-Gen trugen. Unter den 33 nicht als MRSA bestätigten Isolaten waren sämtliche vom Wildschwein eingesandten Isolate (n=8) sowie 25 Isolate aus der Putenfleischkette.

Die 235 bestätigten MRSA-Isolate stammten aus vier verschiedenen Herkünften (Abb. 4.10.1). Bei ihnen wurde der sogenannte *spa*-Typ bestimmt. Dabei wird die genetische Variation des für das Protein A von *S. aureus* codierenden Gens *spa* für eine Unterteilung der Isolate genutzt, wodurch sich verwandtschaftliche Beziehungen ableiten lassen. Anhand des *spa*-Typs lassen sich die Isolate anschließend gut in die beiden aus epidemiologischer Sicht differenziert zu betrachtenden Gruppen von Isolaten einteilen, die mit dem klonalen Komplex CC398 assoziiert sind, und von solchen Isolaten, die diesem Komplex nicht angehören (non-CC398).

Insgesamt wurden 23 verschiedene *spa*-Typen identifiziert, von denen die Typen t011 (16,6%) und t034 (51,5%) erwartungsgemäß am häufigsten waren. Beide *spa*-Typen, t011 und t034, sind mit CC398 assoziiert. Insgesamt wiesen über 86,8 % der Isolate *spa*-Typen auf, die dem klonalen Komplex CC398 zuzuordnen waren. Diese gehörten 16 verschiedenen *spa*-Typen an. Sieben *spa*-Typen konnten nicht dem CC398 zugeordnet werden. Abb. 4.10.2 zeigt die Typisierungsergebnisse der bestätigten MRSA-Isolate nach ihrer Herkunft.

Die meisten Isolate stammten aus Putenfleisch (166 Isolate, 70,6 %) und Hähnchenfleisch (60 Isolate, 25,5 %). Beim Putenfleisch dominierte unter den non-CC398-Isolaten der mit CC9 assoziierte *spa*-Typ t1430 mit 14 der 21 non-CC398-Isolate. Auch bei den non-CC398 Isolaten vom Hähnchenfleisch dominiert der *spa*-Typ t1430 (6/8 Isolaten). Auch beide non-CC398-Isolate aus konventionellen Masthähnchenbeständen waren vom *spa*-Typ t1430. Andere non-CC398-Isolate waren vom *spa*-Typ t127 (3), t10204 (2) sowie t002, t852, t1422, t13177 (je 1).

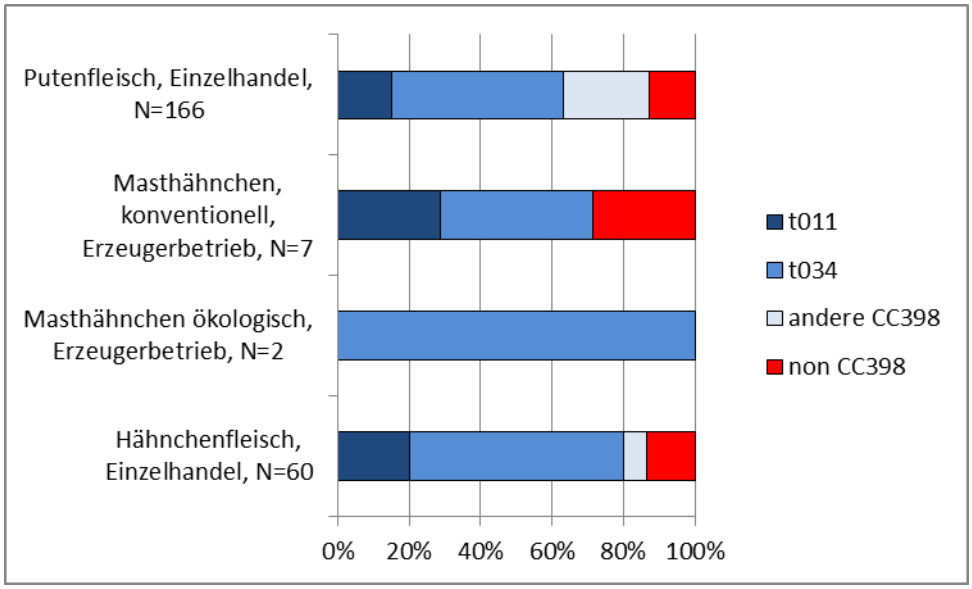

Abb. 4.10.1: Übersicht über die Verteilung der epidemiologisch wichtigsten MRSA-Gruppen (eingeteilt aufgrund ihres spa-Typs bzw. ihrer Zugehörigkeit zum klonalen Komplex) bei den Isolaten aus den verschiedenen Herkünften

4.10.4 Mitteilungen der Länder über Nachweise von Methicillin-resistentem *Staphylococcus aureus* (MRSA) bei der Lebensmittelüberwachung in Deutschland

Die Berichte der Länder zu Planproben-Untersuchungen auf MRSA umfassen alle verfügbaren Untersuchungen. Sie enthalten neben Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings auch weitere Proben aus der gesamten Lebensmittelüberwachung. Daher sind die hier dargestellten Prävalenzen mit denen aus dem Zoonosen-Monitoring nicht vergleichbar.

In Schweinefleisch wurde MRSA in 17,9 % nachgewiesen (2015: 11,3 %). In 4,3 % der Rindfleischproben wurden ebenfalls MRSA nachgewiesen.

Im Vergleich zum Vorjahr wurden 2016 mehr Untersuchungen auf MRSA bei Geflügelfleisch mitgeteilt (Tab. 4.10.4). Die Untersuchungen von Geflügelfleisch zeigten in 29 % der Proben MRSA (2015: 15 %). Fleisch von Masthähnchen wies in 15 % der Proben MRSA auf (2015: 16 %). Aus Putenfleisch wurde in 49 % der Proben MRSA nachgewiesen (2015: 11 %).

Tab. 4.10.4: Lebensmittel-Planproben 2016 - *Staphylococcus aureus* MRSA

Quelle		Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)	An-merk.
*)	Länder								
Rindfleisch									
2 (3)	SH,SL	MRSA	47	2	4,26		±5,77	0,00–10,03	
Schweinefleisch									
3 (4)	SH,SL,ST	MRSA	28	5	17,86		±14,19	3,67–32,04	1),2)
Schaffleisch									
2 (2)	HH,SH	MRSA	25	0					
Wildfleisch									
1 (1)	HH	MRSA	7	1	14,29		±25,92	0,00–40,21	
Hackfleisch aus Rindfleisch									
1 (1)	NW	MRSA	1	1	100				
Fleisch v. Masthähnchen									
9 (14)	HE,BY,HH,SH,	MRSA	316	46	14,56		±3,89	10,67–18,45	2),3)
	MV,SN,NW,SL, ST								
Fleisch v. Truthühnern/Puten									
10 (14)	HE,BY,HH,SH,	MRSA	294	144	48,98		±5,71	43,27–54,69	2),3)
	MV,SN,NI,NW,								
	SL,ST								
Vorzugsmilch									
3 (3)	MV,NI,TH	MRSA	15	0					
Rohmilchprodukte, andere									
2 (2)	MV,TH	MRSA	13	0					
Rohmilch anderer Tierarten									
2 (2)	NI,TH	MRSA	16	0					
Milchprodukte, andere									
2 (2)	HE,MV	MRSA	17	0					
Milch, unspezifiziert									
1 (2)	NI	MRSA	56	14	25,00		±11,34	13,66–36,34	
Tupferproben in Lebensmittel-Betrieben									
2 (2)	BW,BY	MRSA	148	0					

Anmerkungen

1) SH: Bestätigung vom BfR noch nicht eingegangen
2) ST: spezielle Probenvorbereitung
3) SH: 1 Bestätigung vom BfR noch nicht eingegangen

4.10.5 Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* bei Tieren

4.10.5.1 Untersuchungen im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016

Es wurden insgesamt 2173 Proben in die Auswertung zum Vorkommen von MRSA-verdächtigen *S. aureus* einbezogen. In 0,9 % der Nasentupfer von Wildschweinen wurden MRSA-verdächtige *S. aureus* nachgewiesen, wobei Jungtiere zu 1,4 % und ausgewachsene Wildschweine zu 0,7 % mit den Keimen besiedelt waren. Keines der eingesandten Isolate wurde jedoch als MRSA bestätigt. Die Nachweisrate von MRSA-verdächtigen *S. aureus* in Staubtupfern und Hauttupfern aus konventionellen Masthähnchenbetrieben betrug 0,6 % bzw. 1,9 %.

Tab. 4.10.5: Prävalenz von MRSA-verdächtigen *S. aureus* in Kotproben von Wildschweinen 2016. Keines der Isolate wurde im Nationalen Referenzlabor als MRSA bestätigt.

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-verdächtige Proben (n)	95% Konfidenzintervall
Nasentupfer	575	5	0,9 (0,3–2,1)
Kot (Jungtier)	140	2	1,4 (0,1–5,4)
Kot (ausgewachsenes Tier)	414	3	0,7 (0,1–2,2)

Tab. 4.10.6: Prävalenz von MRSA-verdächtigen S. aureus in Staub- und Hauttupfern von Masthähnchen 2016

Matrix	Anzahl untersuchter Proben (N)	MRSA-verdächtige Proben (n)	MRSA-verdächtige Proben (n) (in %) (95% Konfidenzintervall)
Erzeugerbetrieb			
Staubtupfer (konventionell)	327	2	0,6 (0,0–2,4)
Staubtupfer (ökologisch)	37	2	5,4 (0,6–18,6)
Hauttupfer (konventionell)	318	6	1,9 (0,8–4,2)
Hauttupfer (ökologisch)	36	0	0,0 (0,0–11,5)

4.10.5.2 Mitteilungen der Länder über MRSA bei Tieren

Von den Ländern wurden Untersuchungen bei verschiedenen Nutztieren im Rahmen der Zoonosenberichterstattung mitgeteilt (Tab. 4.10.7). Insgesamt war die Zahl der Untersuchungen begrenzt. Es zeigte sich, dass die Untersuchungen bei Rindern und Schweinen häufig positive Befunde erbrachten. MRSA wurde auch bei Pferden in 23 % (8/35) der Bestände, aus denen Tiere untersucht wurden, nachgewiesen.

Tab. 4.10.7 a): Tiere - Untersuchungen der Länder 2016 – MRSA

Quelle		Zoonosenerreger	Herden/ Gehöfte untersucht	Pos.	%		Anmerkungen
*)	Länder						
Legehühner							
1 (1)	MV	MRSA	1	1	100		
Masthähnchen							
7 (7)	BY,MV,NI,NW,SH, ST,TH	MRSA	522	10	1,92		1),2),3),4),5),6)
Rinder, gesamt							
3 (3)	ST,TH,RP	MRSA	102	18	17,65		
Milchrinder							
3 (3)	ST,TH,BW	MRSA	124	36	29,03		
Schweine							
6 (6)	ST,TH,BW,BY,MV,	MRSA	31	24	77,42		7)
Zuchtschweine							
1 (1)	MV	MRSA	1	1	100		
Mastschweine							
1 (1)	MV	MRSA	5	5	100		
Schafe							
2 (2)	TH,RP	MRSA	3	0			
Ziegen							
2 (2)	TH,RP	MRSA	5	0			
Pferde							
3 (3)	ST,TH,RP	MRSA	35	8	22,86		8)

Anmerkungen

1) BY,NW: AVV-Zoonosen-Stichprobenplan
2) NI: Hauttupfer und Staub
3) NI: AVV Lebensmittelkette EB2a+2b
4) SH: ZSP 2016 EB 2a
5) ST: AVV Zoonosen, Programm EB2a, Sockentupfer
6) TH: AVV-Zoonosen
7) BY: Krankheitsursache
8) RP: zuchthygienische Untersuchung

Tab. 4.10.7 b): Tiere - Untersuchungen der Länder 2016 – MRSA

Quelle *)	Länder	Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%		Anmerkungen
Legehühner							
2 (2)	MV,NW	MRSA	17	1	5,88		1)
Masthähnchen							
6 (6)	BY,MV,NI,SN, ST,TH	MRSA	231	8	3,46		2),3),4)
Rinder, gesamt							
4 (4)	ST,TH,RP,SN	MRSA	396	32	8,08		
Kälber							
1 (1)	RP	MRSA	1	0			
Milchrinder							
3 (23	ST,TH,BW	MRSA	416	50	12,02		
Schweine							
8 (8)	ST,TH,BW,BY,	MRSA	73	59	80,82		
	MV,NW,RP,SN						
Zucht-Schwein							
1 (1)	MV	MRSA	1	1	100		
Mast-Schwein							
1 (1)	MV	MRSA	5	5	100		
Schafe							
2 (2)	TH,RP	MRSA	2	0			
Ziegen							
2 (2)	TH,RP	MRSA	5	0			
Pferde							
4 (34	ST,TH,NW,RP	MRSA	38	11	28,95		
Hund							
1 (1)	RP	MRSA	10	1	10,00		
Katze							
2 (2)	ST,RP	MRSA	4	2	50,00		
Wildschweine							
4 (4)	BW,BY,NI,SN	MRSA	347	2	0,58		1),2),5)
Wildschweine freilebend							
1 (1)	NI	MRSA	278	0			
Tiere, sonst							
2 (2)	HE,RP	MRSA	73	1	1,37		
Umgebungsproben in Tierbeständen							
1 (1)	BY	MRSA	22	0			1),6)

Anmerkungen

1) NW,BY: AVV-Zoonosen-Stichprobenplan
2) SN: AVV-Zoonose-Monitoring
3) ST: AVV Zoonosen, Programm EB2a, Hauttupfer
4) TH: AVV-Zoonosen
5) BW: Z 2016 Wi 9
6) BY: Tupferproben (Hygienekontrolle)

4.10.6 Übergreifende Betrachtung

Beim Menschen gehören MRSA zu den wichtigsten Erregern nosokomialer Infektionen. Infektionen treten vereinzelt auch außerhalb von Krankenhäusern auf. Nutztier-assoziierte MRSA und insbesondere dem CC398 angehörende Typen werden bei beruflich exponierten Personen häufig als Besiedler nachgewiesen, sind in der Gesamtbevölkerung aber eher selten zu finden (Bisdorff et al., 2012). Die Bedeutung von kontaminiertem Fleisch als Quelle humaner Besiedlungen mit MRSA wird derzeit als sehr gering eingeschätzt (ECDC et al., 2009).

In Deutschland spielen Infektionen des Menschen mit Nutztier-assoziierten MRSA nach wie vor eine eher untergeordnete Rolle. Hier dominieren die Krankenhaus-assoziierten Stämme, mit weitem Abstand folgen die außerhalb des Krankenhauses vorkommenden („community acquired“) MRSA (Layer et al., 2018). In viehdichten Regionen, aber auch insgesamt, ist der Anteil der LA-MRSA an Infektionen in Krankenhäusern in den letzten Jahren angestiegen (Köck, 2013, Layer et al., 2018). Angemerkt werden muss an dieser Stelle zudem, dass es keine Verpflichtung gibt, die auf Grundlage des IfSG in Blutkulturen nachgewiesenen MRSA zu typisieren, sodass zuverlässige Angaben über den Anteil der LA-MRSA nicht möglich sind. Insgesamt ist die Zahl der positiven Blutkulturen seit Jahren rückläufig, was sich auch in den Zahlen der Antibiotikaresistenz-Surveillance des RKI niederschlägt (https://ars.rki.de/)

Nach derzeitigem Stand der Erkenntnisse ist insbesondere der direkte Kontakt zu besiedelten Nutztieren mit einem erhöhten Besiedlungsrisiko mit LA-MRSA beim Menschen verbunden (Bisdorff et al., 2012). Über Fleisch, insbesondere Geflügelfleisch, gelangen aber regelmäßig MRSA in den Haushalt der Verbraucher. Allerdings scheint dies nur selten zu einer Kolonisierung von Menschen zu führen, da außerhalb der beruflich exponierten Kreise Nutztier-assoziierte MRSA immer noch selten sind (Bisdorff et al., 2012), auch wenn vereinzelt in der Humanmedizin Fälle auftreten, die auf MRSA zurückgehen, die mit solchen aus Lebensmitteln übereinstimmen und bei denen ein Tierkontakt des Erkrankten nicht stattgefunden hat (Larsen et al., 2016). Eine mögliche Ursache des seltenen Auftretens von Besiedlungen beim Menschen durch Lebensmittel könnte die geringe Konzentration der Erreger auf den Lebensmitteln sein (Pauly et al., 2019).

Die Nachweise von MRSA bei Pferden und Heimtieren (Hunde, Katzen) zeigen, dass neben lebensmittelliefernden Tieren auch von diesen ein Expositionsrisiko für den Menschen gegeben ist (Vinscze et al., 2014).

4.10.7 Literatur

Zu beachten: www.bfr.bund.de/cd/299: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

Bisdorff, B., J. Scholholter, K. Claußen et al. (2012): MRSA-ST398 in livestock farmers and neighbouring residents in a rural area in Germany. Epidemiology and Infection 140,1800–1808.

ECDC, EFSA, and EMEA (2009): Joint scientific report of ECDC, EFSA and EMEA on meticillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in livestock, companion animals and food, http://www.efsa.europa.eu/cs/BlobServer/Report/biohaz_report_301_joint_mrsa_en.pdf?ssbinary=true. Accessed 24-7-2009.

EFSA (2012): Technical specifications on the harmonised monitoring and reporting of antimicrobial resistance in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in food-producing animals and food. EFSA Journal 10 (10), 2897. [56 pp.] doi:10.2903/j.efsa.2012.2897

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

Köck, R., F. Schaumburg, A. Mellmann et al. (2013): Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) as causes of human infection and colonization in Germany. PLoS. One 8 (2): e55040

Larsen J., M. Stegger, P. S. Andersen et al. (2016): Evidence for human adaptation and foodborne transmission of livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus.* Clinical Infectious Diseases 63: 1349–1352

Layer, F., B. Strommenger, C. Cuny, I. Noll, M. Abu Sin, T. Eckmanns, G. Werner (2018): Eigenschaften, Häufigkeit und Verbreitung von MRSA in Deutschland – Update 2015/2016. Epid Bull 5, 57–62

Pauly N., H. Wichmann-Schauer, B. Ballhausen, N. Torres Reyes, A. Fetsch, B.-A. Tenhagen (2019): Detection and quantification of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in fresh broiler meat at retail in Germany. Int J Food Microbiol 292: 8–12. doi: 10.1016/j.ijfoodmicro.2018.11.025

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

Vincze, S., P. A. Kopp, J. Hermes, C. Adlhoch, T. Semmler, L. H. Wieler, A. Lübke-Becker, B. Walther (2014): Alarming proportions of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in wound samples from companion animals, Germany 2010–2012. PloS one 9 (1), e85656. doi: 10.1371/journal.pone.0085656. eCollection 2014

4.11 Cronobacter

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“, BfR, Berlin

M. Hartung

4.11.1 Einleitung

Cronobacter (Cr.) sakazakii (vormals *Enterobacter sakazakii,* vgl. Iversen et al., 2008) wird seit 1989 als Ursache seltener, aber schwer verlaufender neonataler Meningitiden, Septikämien oder nekrotisierender Enterocolitis-Erkrankungen in der Literatur beschrieben. Neugeborene und Säuglinge unter medizinischer Behandlung, vor allem Frühgeburten, stellen die höchste Risikogruppe für eine *Cr. sakazakii*-Infektion dar. Die Mortalität bei den an Meningitis erkrankten Säuglingen ist mit 50–75 % sehr hoch. In einer Vielzahl von Fällen wurde Trockenmilch-Säuglingsnahrung als Quelle der Erregeraufnahme beschrieben (BfR, 2012; Blackwood and Hunter, 2016).

4.11.2 Mitteilungen der Länder über *Cronobacter*-Nachweise bei der Lebensmittelüberwachung in Deutschland

Für 2016 konnten sieben Länder Angaben über Untersuchungen von Lebensmitteln auf *Cronobacter* spp. machen (vgl. Tab. 4.11.1). Dabei wurden 129 Proben von Nahrung für Kleinkinder bis 6 Monate untersucht, wobei wie im Vorjahr keine der untersuchten Proben positiv war. Auch in den anderen untersuchten Lebensmitteln wurden wie im Vorjahr ebenfalls keine positiven Nachweise geführt.

4.11.3 Literatur

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

BfR, 2012: Empfehlungen zur hygienischen Zubereitung von pulverförmiger Säuglingsnahrung. Stellungnahme Nr. 040/2012 des BfR vom 6. November 2012. http://www.bfr.bund.de/cm/343/empfehlungen-zur-hygienischen-zubereitung-von-pulverfoermiger-saeuglingsnahrung.pdf

Blackwood, B. P., C. J. Hunter (2016). Cronobacter spp. Microbiol Spectr 4 (2)

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

Iversen, C., N. Mullane, B. McCardell, B. D. Tall, A. Lehner, *S.* Fanning, R. Stephan, H. Joosten (2008): *Cronobacter* gen. nov., a new genus to accommodate the biogroups of *Enterobacter sakazakii*, and proposal of *Cronobacter sakazakii* gen. nov., comb. nov., *Cronobacter malonaticus* sp. nov., *Cronobacter turicensis* sp. nov., *Cronobacter muytjensii* sp. nov., *Cronobacter dublinensis* sp. nov., *Cronobacter genomospecies* 1, and of three subspecies, *Cronobacter dublinensis* subsp. *dublinensis* subsp. nov., *Cronobacter dublinensis* subsp. *lausannensis* subsp. nov. and *Cronobacter dublinensis* subsp. *lactaridi* subsp. Int J System Evol Microbiol 58: 1442–1447.

Tab. 4.11.1: Lebensmittel-Planproben 2016 – *Cronobacter*

Quelle *)	Länder	Zoonosenerreger	unters. Proben	Pos.	%	%r	Abwei-chung	Konfidenz-intervall (%)	Anmerk.
Milchprodukte, ohne Rohmilch									
1 (1)	ST	CRONOBACTER	2	0					1),2)
Milchpulver, Trockenmilch									
2 (3)	SL,ST	CRONOBACTER	4	0					1),2),3)
Molkenpulver									
1 (1)	ST	CRONOBACTER	2	0					1),2)
Kinder-, Diätnahrung									
2 (3)	NW,SL	CRONOBACTER	39	0					2),3)
Kleinkindernahrung bis 6 Monate									
5 (5)	BY,HH,SH,NW,TH	CRONOBACTER	129	0					
Kleinkinder-Diätnahrung bis 6 Monate									
2 (2)	BY,HH	CRONOBACTER	20	0					
Kleinkindernahrung ab 6 Monate									
1 (1)	NW	CRONOBACTER	7	0					

Anmerkungen

1) ST: spezielle Probenvorb
2) ST,SL: *Cronobacter sakazakii*
3) SL: Probenvorbereitung g

4.12 Tollwut-Virus (Lyssavirus)

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“, BfR, Berlin

M. Hartung

4.12.1 Einleitung

Die Tollwut ist in Deutschland seit 2008 offiziell getilgt. Seit dieser Zeit kommt es nur noch zu gelegentlichen Nachweisen bei Tieren aus anderen Ländern oder bei Fledermäusen. In Deutschland wurden 2016 insgesamt 23 Tollwut-positive Fledermäuse ermittelt. Es wurde vorwiegend (21-mal) die Spezies *European Bat Lyssavirus* (EBLV) 1 identifiziert und 2-mal das *Bokeloh Bat Lyssavirus* (BBLV) (FLI, 2017). Bei Menschen wurden 2016 keine Erkrankungen an Tollwut registriert (RKI, 2017).

4.12.2 Mitteilungen der Länder über Lyssavirus-Nachweise bei Tieren

Bei keinem der untersuchten Nutztiere und Heimtiere wurde Tollwut nachgewiesen (vgl. Tab. 4.12.1). Auch über 3000 untersuchte Füchse und etwa 1300 andere Wildtiere waren negativ.

Bei Fledermäusen wurde EBLV-1 in 21 Fällen (8,8 %) in zwei Ländern nachgewiesen.

4.12.3 Übergreifende Bewertung

Die Ergebnisse zeigen, dass das Tollwutvirus auch 2016 in Deutschland nur bei Fledermäusen nachzuweisen war. Der letzte menschliche klassische Tollwutfall trat 2007 in Deutschland auf und resultierte aus einem Hundebiss in Marokko. Bei einer möglichen Übertragung des *European Bat Lyssavirus* auf den Menschen (etwa durch den Biss einer erkrankten Fledermaus) ist eine postexpositionelle Impfprophylaxe angezeigt (Delere et al., 2011).

4.12.4 Literatur

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

Delere, Y., O. Wichmann, T. Müller, C. Freulich, M. Roggendorf, S. Roß (2011): Tollwut in Deutschland: Gelöstes Problem oder versteckte Gefahr? Epidemiologisches Bulletin 8: 57–61

FLI (2017): Tiergesundheitsjahresbericht 2016. Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems, 167 S. (http://www.fli.bund.de)

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

Tab. 4.12.1: Tiere 2016 – Tollwut-Virus (Lyssavirus)

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%	%r	Anmerkungen
*)	Länder						
Rinder, gesamt							
9 (10)	BW,BY,HE,NW,SL, SN,TH,NI,ST	LYSSAVIRUS	64	0			1)
Schafe							
10 (10)	BY,HE,NI,NW,RP,S H,SL,SN,BW,ST	LYSSAVIRUS	61	0			1),2)
Ziegen							
3 (3)	BY,HE,NI	LYSSAVIRUS	23	0			
Einhufer							
5 (5)	BY,HE,NI,NW,SN	LYSSAVIRUS	115	0			
Hund							
12 (15)	BW,BY,HE,HH,NI,N W,RP,SH,SN,TH,M V,ST	LYSSAVIRUS	191	0			3),4)
Katze							
13 (16)	BW,BY,HE,HH,NI,N W,RP,SH,SL,SN,T H,MV,ST	LYSSAVIRUS	171	0			1),3),4)
Heimtiere, sonst							
4 (4)	NW,TH,BW,MV	LYSSAVIRUS	23	0			
Zootiere							
1 (1)	NI	LYSSAVIRUS	17	0			
Rehe							
11 (13)	BW,BY,HE,NI,NW, RP,SH,SN,TH,MV, ST	LYSSAVIRUS	222	0			3),4)
Hirsche							
6 (6)	BY,HE,NI,SN,TH, NW	LYSSAVIRUS	10	0			3),4)
Fledermäuse							
11 (12)	BW,BY,HE,HH,NI,	LYSSAVIRUS	239	22	9,21		5)
	NW,RP,SH,SN,TH, ST	LYSSAVRUS EBLV-1	..	21	8,79	100	5),6),7)
Füchse							
13 (16)	BW,BY,HE,HH,NI,N W,RP,SH,SL,SN,T H,MV,ST	LYSSAVIRUS	3052	0			3),4),5),8)
Marder							
12 (15)	BW,BY,HE,HH,NI,N W,SH,SN,TH, MV,RP,ST	LYSSAVIRUS	101	0			3),4),5)
Andere Marderarten							
6 (7)	BW,NI,RP,SN,TH,N W	LYSSAVIRUS	52	0			3),9),10),11)
Marderhunde							
8 (7)	HH,NI,NW,SL,SN,T H,MV,ST	LYSSAVIRUS	78	0			1)
Wildtiere, sonst							
13 (16)	BW,BY,HE,HH,NI,N W,RP,SH,SL,SN,T H,MV,ST	LYSSAVIRUS	808	0			1),3),4), 12)-16)

Anmerkungen

1) SL: IFT
2) RP: Immunfluoreszenz
3) NW: Sektionsbefunde
4) NW: Immunfluoreszenz, bei Hund und Katze zusätzlich Zellkultur
5) BY: Plan-Kontrolle nach Tollwut-Verordnung
6) BY: BBLV
7) SH: EBL Typ 1
8) BW: Tollwut-Monitoring
9) RP: Frettchen
10) NW: 6 Waschbären
11) NW: Immunfluoreszenz, bei Hund und Katze zusätzlich Zellkultur
12) RP: 1 xWildschwein, 1 xDachs
13) SH: Dachs: 2, Igel: 1, Robbe: 1, Wildschwein: 1
14) MV: 7 xDachs, 1 xIgel, 2 xKatze, 11 xWaschbär
15) RP: 3 x Dachs, 1 xWild-Ktz, 4 xWildschwein
16) ST: 80 Waschbären, 7 Wildschweine, 4 Dachse, 1 Otter, 1 Eichhörnchen, 1 Polarfuchs, 1 Indischer Mungo

4.13 West-Nile-Virus

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“, BfR, Berlin

M. Hartung

4.13.1 Einleitung

Das West-Nil-Virus (WNV) ist ein von Mücken übertragenes Virus mit weltweiter Bedeutung und eines der am meisten verbreiteten Flaviviren überhaupt. WNV wird hauptsächlich in einem tierischen Kreislauf zwischen Mücken, hauptsächlich Stechmücken der Gattung Culex, und bestimmten Wildvogelarten aufrechterhalten. Bestimmte Vogelarten wie z.B. Raben, Eichelhäher und Greifvögel sind besonders empfänglich für eine WNV-Infektion und können bis hin zu tödlichen Enzephalitiden entwickeln, während andere Vogelarten nur subklinische Infektionen durchlaufen. Menschen und Pferde sind sog. Fehlwirte („dead-endhosts”) der Erkrankung und können milde fieberhafte Symptome (sog. „West-Nil-Fieber“) bis hin zu schweren Gehirnentzündungen mit tödlichem Ausgang entwickeln.

Die WNV-Infektion von Vögeln und Pferd ist eine anzeigepflichtige Tierseuche in Deutschland. Bisher gilt Deutschland offiziell als WNV-frei, denn in umfassenden nationalen Überwachungsprogrammen wurden bisher keine WNV-Erkrankungsfälle in Pferden oder Vögeln (Wildvögel bzw. Wirtschaftsgeflügel) in Deutschland nachgewiesen. Auch in den Monitoring-Untersuchungen zahlreicher Stechmücken aus verschiedenen Gebieten in Deutschland wurde das Virus bisher nicht nachgewiesen (FLI, 2017).

Das Vorkommen von WNV wird von der EFSA seit 2012 von den Mitgliedstaaten erfragt. Pauli (2004) hatte von West-Nile-Virus-Nachweisen in jungen Störchen bei der Rückkehr aus dem Süden in den Jahren 1997–2000 berichtet, wobei in 14 % der untersuchten Tiere das Virus isoliert werden konnte.

4.13.2 Mitteilungen der Länder über West-Nile-Virus-Nachweise bei Untersuchungen bei Tieren in Deutschland

Für 2016 haben fünf Länder Angaben über die Untersuchungsergebnisse zu WNV gemacht (vgl. Tab. 4.13.1). Danach wurde eine Reihe unterschiedlicher Tierarten, Vögel und Pferde, untersucht. In keiner Probe wurde WNV nachgewiesen.

4.13.3 Literatur

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

FLI (2017): Tiergesundheitsjahresbericht 2016. Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems, 167 S. (http://www.fli.bund.de)

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

Pauli, G. (2004): West-Nil-Virus in Deutschland? RKI, Berlin http://www.bfr.bund.de/cm/343/westnilfieber_in_deutschland.pdf

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

Tab. 4.13.1: Tiere 2016 – West-Nile-Virus

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%		Anmerkungen
*)	Länder						
Reise-, Zuchttauben							
2 (2)	HE,BW	WEST NILE VIRUS	3	0			
Heimvögel, sonst							
2 (4)	BW,NW	WEST NILE VIRUS	19	0			
Zoovögel							
3 (5)	BW,HE,NW	WEST NILE VIRUS	51	0			
Verwilderte Tauben							
2 (2)	NW,BW	WEST NILE VIRUS	26	0			
Finken							
2 (3)	BW,RP	WEST NILE VIRUS	5	0			
Wildvögel, sonst							
5 (9)	BW,HE, NW,RP,SN	WEST NILE VIRUS	458	0			
Pferde							
2 (2)	HE,NW	WEST NILE VIRUS	7	0			

4.14 Trichinella

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“ und dem nationalen Referenzlabor für *Trichinella*, BfR, Berlin

M. Hartung, A. Käsbohrer, K. Nöckler

4.14.1 Einleitung

Trichinellen sind Rundwürmer (Nematoden), deren Larven Dauerformen in der Muskulatur von Tieren bilden. Menschen können sich durch den Verzehr von derart belastetem Fleisch infizieren. 2016 wurden dem RKI vier Fälle von Trichinellose übermittelt. Die Personen erkrankten im Rahmen einer Familienfeier in Serbien (RKI, 2017).

4.14.2 Mitteilungen der Länder über *Trichinella*-Nachweise bei Schlachttieruntersuchungen und bei Tieren in Deutschland

Die Mitteilungen der Länder über Trichinenuntersuchungen sind in Tab. 4.14.1 dargestellt.

Untersuchungen auf *Trichinella (T.)* spp. werden bei jeder Schlachtung von Schweinen durchgeführt, wobei 2016 kein Nachweis von *T. spiralis* gelang. Die Mitteilungen von sieben Ländern über Untersuchungen von Schweinen im Rahmen der Zoonosen-Berichterstattung repräsentieren nur einen Teil der in Deutschland durchgeführten Untersuchungen bei allen Schlachtschweinen, die parallel über die statistischen Landesämter gemeldet werden. In Deutschland wurden 2016 insgesamt 59.524.421 Schweine geschlachtet und auf Trichinen untersucht, davon 54.857.793 aus deutscher Herkunft. Bei keinem der Schlachtkörper wurden Trichinen nachgewiesen (Destatis, 2017). Desgleichen wurden 8.338 Pferde im Rahmen der Schlachtung auf *Trichinella* spp. untersucht, auch hier durchweg mit negativem Ergebnis (Destatis, 2017).

In Tab. 4.14.2 sind die Daten für Wildschweine und andere Wildtiere nach Ländern dargelegt. Hierbei wurde die im Rahmen der Zoonosen-Berichterstattung an das BfR übermittelte Anzahl der Untersuchungen berücksichtigt. Insgesamt wurden von zwölf Ländern etwa 174.700 Wildschweine auf Trichinen untersucht (vgl. Tab. 4.14.1). Bei fünf freilebenden Wildschweinen wurde ein Befall mit *T. spiralis* ermittelt. Die positiven Befunde stammen aus zwei Ländern. Fünf Länder berichteten von Planproben, die 31 % der gesamten Untersuchungen ausmachten und negativ waren.

Bei anderen Tieren wurden keine Fälle mit *Trichinella* gefunden.

4.14.3 Literatur

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

DESTATIS (2017): Schlachttier und Fleischuntersuchung 2016 https://www.destatis.de/DE/Publikationen/Thematisch/LandForstwirtschaft/ViehbestandTierischeErzeugung/FleischuntersuchungJ.html

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

Tab. 4.14.1: Tiere 2016 – *TRICHINELLA*

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%		Anmerkungen
*)	Länder						
Schweine							
6 (8)	BB,BY,HH,MV,SL, SN	TRICHINELLA	2.274.691	0			1)
Einhufer							
6 (6)	BB,BY,MV,SL,SN, TH	TRICHINELLA	621	0			1)
Wildschweine in Gehegen							
3 (3)	BB,MV,TH	TRICHINELLA	252	0			1)
Wildschweine freilebend							
12 (14)	BB,BE,BW,BY,HE,	TRICHINELLA	174.718	5	< 0,005		1)
	HH,MV,NW,RP,SL, SN,TH	T.SPIRALIS	..	5	< 0,005		1)
Füchse							
7 (7)	BB,BW,HH,SL,SN, ST,TH	TRICHINELLA	1728	0			
Marderhunde							
5 (5)	BB,BW,HH,ST,TH	TRICHINELLA	56	0			
Dachs							
2 (2)	RP,TH	TRICHINELLA	28	0			
Waschbären							
2 (2)	BB,TH	TRICHINELLA	151	0			
Wildtiere, sonst							
8 (8)	BB,BY,HH,MV,SL, SN,ST,TH	TRICHINELLA	3820	0			1),2),3)
Tiere, sonst							
3 (3)	BB,MV,SN	TRICHINELLA	33	0			4)

Anmerkungen

1) MV: Angaben VLA
2) BB: Waschbär
3) ST: 85 Waschbären, 10 Marder, 4 Dachse
4) MV: Nutria (Angaben VLA)

Tab. 4.14.2: Übersicht über die an das BfR im Rahmen der Zoonosenberichterstattung gemeldeten Untersuchungen und *Trichinella*-Nachweise bei freilebenden Wildtieren für das Jahr 2016 nach Ländern

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere	TRICHINELLA		T.SPIRALIS	
*)	Länder		untersucht		%		%
Wildschweine	RP	1 (1)	1	0			
freilebend	HE	1 (1)	21	0			
	BY	1 (3)	3708	0			
	HH	1 (1)	398	0			
	NW	1 (1)	52	0			
	BW	1 (1)	7	0			
	MV	1 (1)	44.841	4	0,01	4	0,01
	BW	1 (1)	4	0			
	SL	1 (1)	6905	0			
	SN	1 (1)	33.134	0			
	BE	1 (1)	887	0			
	BB	1 (1)	54.966	1	< 0,01	1	< 0,01
	TH	1 (1)	29.794	0			
Füchse	HH	1 (1)	159	0			
	BW	1 (2)	681	0			
	SL	1 (1)	29	0			
	SN	1 (1)	14	0			
	BB	1 (1)	50	0			
	ST	1 (1)	454	0			
	TH	1 (1)	341	0			
Marderhunde	HH	1 (1)	21	0			
	BW	1 (1)	12	0			
	BB	1 (1)	2	0			
	ST	1 (1)	17	0			
	TH	1 (1)	4	0			
Dachs	RP	1 (1)	1	0			
	TH	1 (1)	27	0			
Waschbären	BB	1 (1)	11	0			
	TH	1 (1)	140	0			
Wildtiere, sonst	BY	1 (2)	4	0			
	HH	1 (1)	6	0			
	MV	1 (1)	12	0			
	SL	1 (1)	3	0			
	SN	1 (1)	74	0			
	BB	1 (1)	3.606	0			
	ST	1 (1)	99	0			
	TH	1 (1)	16	0			
Tiere, sonst	MV	1 (1)	19	0			
	SN	1 (1)	12	0			
	BB	1 (1)	2	0			

4.15 Toxoplasma

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“, BfR, Berlin

M. Hartung

4.15.1 Einleitung

Toxoplasmen sind Einzeller (Protozoen), die in der Katze ihre geschlechtliche Entwicklung vollziehen. Die von den Katzen (Endwirt) ausgeschiedenen Oozysten entwickeln sich in der Außenwelt weiter und können dann Säugetiere und Vögel (Zwischenwirte) infizieren. Die meisten Infektionen des Menschen erfolgen entweder durch die Aufnahme von Oozysten oder den Verzehr von ungenügend erhitztem Fleisch infizierter Nutztiere (Becker, 2002). Als Risikofaktor für die Infektion wurde beim Menschen u.a. die Haltung von Katzen identifiziert (Wilking et al., 2016).

Die Toxoplasmose, ausgelöst durch *Toxoplasma (T.) gondii*, kann im Falle einer Infektion während der Schwangerschaft (konnatale Infektion) zu Missbildungen beim Neugeborenen führen. Die Toxoplasmose wurde in den Niederlanden als zoonotische Erkrankung mit der höchsten Krankheitslast identifiziert (van Lier et al., 2016).

2016 wurden dem Robert Koch-Institut zehn konnatale Toxoplasmose-Fälle aus fünf Ländern gemeldet. Als Infektionsort wurde in allen Fällen Deutschland angegeben. Die Meldungen stammten aus den Ländern Rheinland-Pfalz, aus Niedersachsen, aus Mecklenburg-Vorpommern, Bayern und Sachsen (RKI, 2017).

4.15.2 Mitteilungen der Länder über *Toxoplasma*-Nachweise bei Untersuchungen bei Tieren in Deutschland

Aus bis zu fünf Ländern liegen Ergebnisse zu *Toxoplasma*-Untersuchungen bei verschiedenen Tierarten für 2016 vor. Diese sind in Tab. 4.15.1 dargestellt.

Bei einer von 135 untersuchten Katzen wurde ein Nachweis von *Toxoplasma gondii* berichtet (0,73 %, 2015: 1,6 %). Bei über 200 untersuchten Hunden wurden keine Toxoplasmen nachgewiesen.

Bei 367 untersuchten Schweinen wurden 2016 wie im Vorjahr keine *Toxoplasma*-Befunde von den Ländern gemeldet.

Von den untersuchten Rindern erwiesen sich 1,4 % als positiv für *Toxoplasma*. Bei Schafen wurde *Toxoplama* in 6,4 % (2015: 17,4 %) der Untersuchungen festgestellt, in zwei der neun Nachweise wurde *T. gondii* angegeben. In 9,5 % (2015: 16,7 %) der untersuchten Ziegen wurde *Toxoplasma* mitgeteilt. Bei zwei Füchsen konnte *T. gondii* festgestellt werden (18%). Bei sonstigen Tieren wurden 5,4 % als positiv bestimmt, wobei in neun von 16 positiven Fällen *T. gondii* angegeben wurde.

4.15.3 Übergreifende Betrachtung

Im Vergleich zum Vorjahr waren 2016 die untersuchten Nutz- bzw. Heimtiere, Ziegen und Schafe, aber auch Katzen, etwas seltener mit Toxoplasmen infiziert. Über rohes Fleisch können Toxoplasmen auf Menschen übertragen werden. Schwangere sollten deshalb kein rohes Fleisch essen. Toxoplasmen können auch über Schmierinfektionen bei der Zubereitung von Mahlzeiten übertragen werden. Auch von Katzen als Hauptwirt können *Toxoplasma*-Infektionen ausgehen (vgl. RKI, 2017).

4.15.4 Literatur

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

Becker, W. (2002): Zoonosen-Fibel. H. Hoffmann Verlag Berlin, 5. Auflage, 264 S.

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

van Lier, A., S. A. McDonald, M. Bouwknegt, M. E. Kretzschmar, A. H. Havelaar, M. J. Mangen, J. Wallinga, H. E. de Melker (2016): Disease burden of 32 infectious diseases in the Netherlands, 2007–2011. Plos One 11 (4), e0153106.

Wilking, H., M. Thamm, K. Stark, T. Aebischer, F. Seeber (2016): Prevalence, incidence estimations, and risk factors of *Toxoplasma gondii* infection in Germany: a representative, cross-sectional, serological study. Sci Rep 6, 22551

Tab. 4.15.1: Tiere 2016 – *TOXOPLASMA* (Einzeltiere)

Quelle *)	Länder	Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%		Anmerkungen
Rinder, gesamt							
5 (5)	BW,BY,SN,ST,NW	TOXOPLASMA	419	6	1,43		1)
Kälber							
1 (1)	ST	TOXOPLASMA	47	0			
Milchrinder							
1 (1)	ST	TOXOPLASMA	70	0			
Schweine							
2 (1)	SN,ST	TOXOPLASMA	367	0			
Schafe							
5 (6)	BY,SN,ST,MV,NW	TOXOPLASMA	141	9	6,38		
		T.GONDII	..	2	1,42		
Ziegen							
4 (4)	BY,SN,ST,NW	TOXOPLASMA	21	2	9,52		
Pferde							
1 (1)	ST	TOXOPLASMA	15	0			
Hund							
5 (6)	BW,BY,RP,ST,NW	TOXOPLASMA	212	0			2)
Katze							
5 (5)	BW,RP,SN,ST,NW	TOXOPLASMA	135	1	0,74		
		T.GONDII	..	1	0,74		
Füchse							
3 (3)	BW,MV,NW	TOXOPLASMA	11	2	18,18		
		T.GONDII	..	2	18,18		
Wolf							
1 (1)	RP	TOXOPLASMA	1	0			
Tiere, sonst							
7 (8)	BW,BY,RP,SN,ST,	TOXOPLASMA	298	16	5,37		3),4)
	MV,NW	T.GONDII	..	9	3,02		4)

Anmerkungen

1) BY: IHC
2) BW: histologische Diagnose
3) BY: Feldhase, Wachtel
4) RP: 1 xMarder, 1 xEichhörnchen pos.

4.16 Echinococcus

Bericht aus der Fachgruppe „Epidemiologie, Zoonosen und Antibiotikaresistenz“, BfR, Berlin

M. Hartung

4.16.1 Einleitung

Echinokokkosen beim Menschen werden durch *Echinococcus* (*E.) multilocularis* (Fuchsbandwurm, Erreger der alveolären Echinokokkose) und durch *E. granulosus* (Hundebandwurm, Erreger der zystischen Echinokokkose) ausgelöst. Im Jahr 2016 wurden dem RKI insgesamt 96 Echinokokkose-Fälle des Menschen gemeldet. Von den Erkrankungen mit alveolärer Echinokokkose (*E. multilocularis,* 26 Fälle) wurden 89 % auf eine einheimische Infektion zurückgeführt, je einmal wurden Griechenland und die Philippinen als Infektionsort angegeben. Erkrankungen mit zystischer Echinokokkose (*E. granulosus,* 70 Erkrankungen) wurden nach den Angaben der Erkrankten in 13 Bundesländern und fünf ohne Angabe des Bundeslandes erworben. Die Infektionen aus dem Ausland: elf aus Syrien, sechs je aus Türkei, Afganistan und Bulgarien, fünf aus Irak, drei aus Kosovo, zwei aus Griechenland sowie aus 17 anderen Staaten (RKI, 2017).

E. multilocularis hat einen obligaten Wirtswechselzyklus. Infizierte Endwirte (Canidae, auch bedingt Felidae; in Europa vor allem der Rotfuchs, aber auch der Marderhund) beherbergen wenige bis zu mehreren 100.000 geschlechtsreife, 1 bis 3 Millimeter kleine Bandwürmer im Dünndarm. Sie scheiden die auch für den Menschen infektiösen Eier mit dem Kot aus. Die Eier können über Monate in der Umwelt infektionsfähig bleiben, z.B. an der bodennah wachsenden Vegetation. Reguläre Zwischenwirte sind Nager, die sich durch eine orale Aufnahme der Bandwurmeier infizieren und das Larvenstadium in nahezu allen Fällen der Infektion in der Leber und gelegentlich in der Lunge beherbergen. Der Lebenszyklus schließt sich über die Räuber-Beute-Beziehung der End- und Zwischenwirte.

Infektionen bei Tieren mit *Echinococcus* sind seit dem 9. November 2004 meldepflichtig (Verordnung über meldepflichtige Tierkrankheiten). Im Jahre 2016 wurden im TSN insgesamt 250 Fälle von Echinokokkose gemeldet, die in zwölf Bundesländern bei End- und Zwischenwirten diagnostiziert worden waren (FLI, 2017).

4.16.2 Mitteilungen der Länder über *Echinococcus*-Nachweise bei Tieren in Deutschland

Die Mitteilungen der Länder über *Echinococcus*-Untersuchungen für 2016 sind in Tab. 4.16.1 dargestellt.

Bei 21,7 % der untersuchten Füchse wurden Echinokokken nachgewiesen (2015: 23,6 %). Für 12,7 % der Untersuchungen wurde *E. multilocularis* mitgeteilt. Bei den übrigen Befunden wurde die Spezies nicht mitgeteilt. Nachweise von *E. granulosus* wurden im Gegensatz zum Vorjahr für 2016 nicht berichtet. Ein Land berichtete von Planproben, die 11 % der gesamten Untersuchungen ausmachten und zu 3,4 % positiv für Echinokokken waren.

Auch bei einem Schwein, bei Marderhunden und sonstigen Tieren wurde *E. multilocularis* gefunden.

In Abb. 4.16.1 ist die Länderverteilung der Nachweise von *E. multilocularis* bei Füchsen dargestellt. Die Mitteilungen über positive Fälle stammen aus den meisten Ländern.

4.16.3 Übergreifende Betrachtung

In Deutschland wird *E. multilocularis* hauptsächlich bei Wildtieren gefunden, wobei Füchse die größte Bedeutung als Hauptwirt haben. Grundsätzlich kann in ganz Deutschland mit dem Auftreten von Echinokokken bei Füchsen gerechnet werden. Die Nachweishäufigkeit von *E. multilocularis* bei Füchsen ist im Vergleich zum Vorjahr wenig zurückgegangen. Bemerkenswert ist auch der Nachweis von *E. multilocularis* bei einem Schwein und bei sonstigen Tieren.

4.16.4 Literatur

Bisherige Berichte: http://www.bfr.bund.de/de/zoonosenberichterstattung_durch_das_bfr-300.html: BgVV- und BfR-Hefte ab 1996 abrufbar

FLI (2017): Tiergesundheitsjahresbericht 2016. Friedrich-Loeffler-Institut, Bundesforschungsinstitut für Tiergesundheit, Südufer 10, 17493 Greifswald-Insel Riems, 167 S. (http://www.fli.bund.de)

Hartung, M., B.-A. Tenhagen, K. Alt, A. Käsbohrer (2018): Erreger von Zoonosen in Deutschland im Jahr 2015. BfR-Wissenschaft, 01/2018; 252 Seiten, 43 Abbildungen, 89 Tabellen

RKI (2017): Infektionsepidemiologisches Jahrbuch meldepflichtiger Krankheiten für 2016. RKI, Berlin, 243 S.

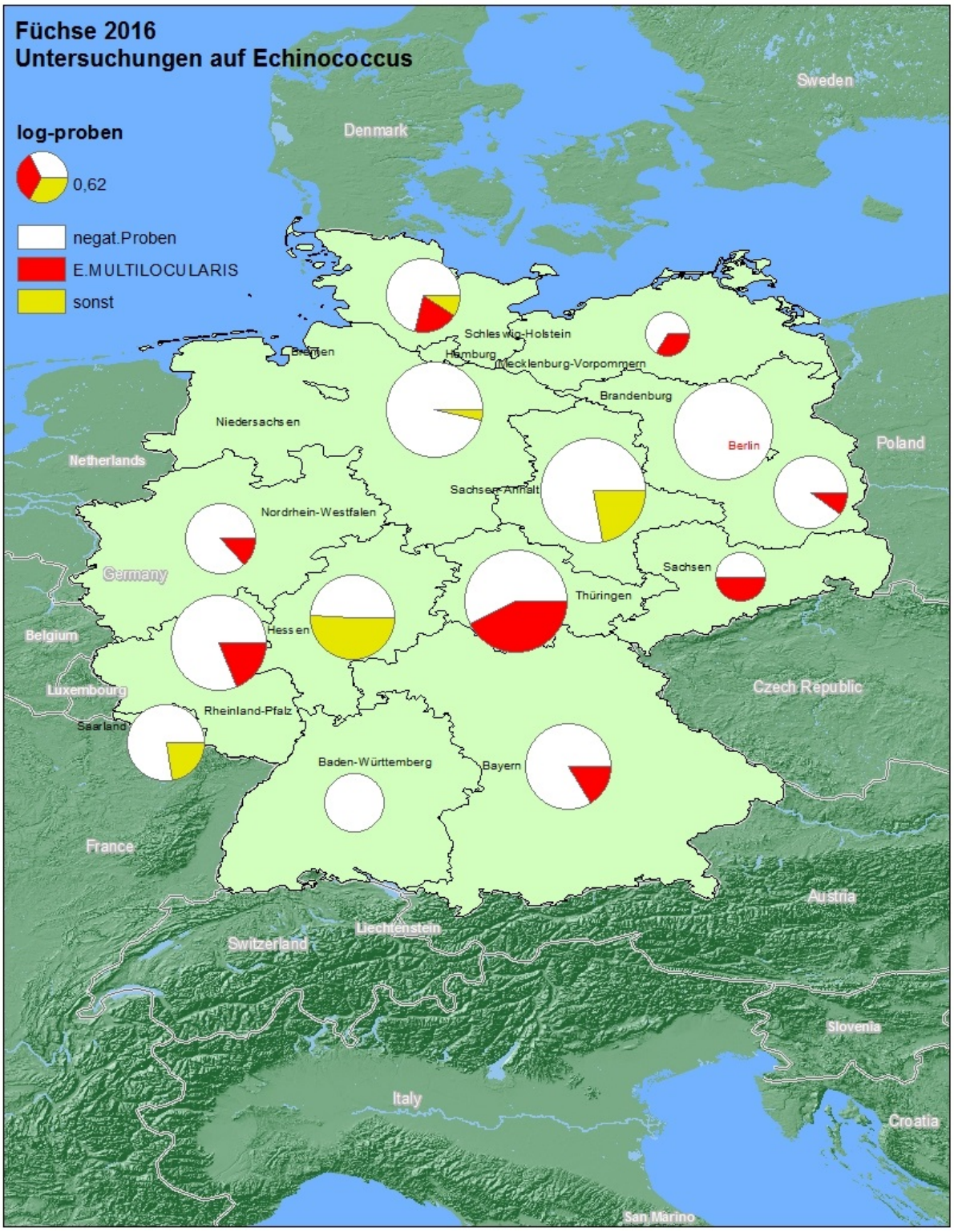

Abb. 4.16.1: Länder-Übersicht über *Echinococcus*-Nachweise bei Füchsen 2016

Tab. 4.16.1: Tiere 2016 – *ECHINOCOCCUS*[1]

Quelle		Zoonosenerreger	Einzeltiere untersucht	Pos.	%		Anmerkungen
*)	Länder						
Schweine							
1 (1)	BW	ECHINOCOCCUS	94	1	1,06		1)
		E.MULTILOCULARIS	..	1	1,06		1)
Hund							
3 (3)	BW,BY,NW	ECHINOCOCCUS	45	0			
Füchse							
14 (12)	BW,BY,HE,HH,	ECHINOCOCCUS	1540	334	21,69		2)
	RP,SH,SL,SN,	E.MULTILOCULARIS	..	195	12,66	97,99	2)
	ST,TH,BB,BE, MV,NW	E., sp.	..	4	0,26	2,01	2)
Marderhunde							
1 (1)	TH	ECHINOCOCCUS	4	2	50,00		
		E.MULTILOCULARIS	..	2	50,00		
Tiere, sonst							
6 (6)	BB,BE,BW,BY,	ECHINOCOCCUS	152	9	5,92		4)
	HH,SN	E.MULTILOCULARIS	..	9	5,92	100	4)
Wildschweine							
1 (1)	NW	ECHINOCOCCUS	1	1	100		
		E.MULTILOCULARIS	..	1	100	100	

Anmerkungen

1) BW: pathologisch-anatomisch bzw. histologisch

2) SH: 2 Tiere: *E.* sp. und *E. multiloc*. nachgewiesen. *E*. sp. wird diagnostiziert, wenn eine Speziesbestimmung aufgrund von unvollständigen Parasiten nicht möglich ist.

4) NW: 1 Affe

[1] Vgl. Erläuterungen unter Methoden (cf. methods).

5 Abbildungsverzeichnis

Abb. 4.1.1: Dem RKI gemeldete Fälle von Salmonellose beim Menschen 2001–2016 (n. RKI, 2017) 23

Abb. 4.1.2: Anteile der dem RKI gemeldete Serovare von Salmonellosen beim Menschen 2016 (n. RKI, 2017, https://survstat.rki.de/). Gezeigt werden die fünf häufigsten Serovare. 24

Abb. 4.1.3: *Salmonella*-Serovare bei Lebensmitteln in Deutschland 2016 im Vergleich zu 2015 29

Abb. 4.1.4: *Salmonella*-Nachweisrate bei Schweinefleisch in Deutschland 2016 nach Monaten 29

Abb. 4.1.5: *Salmonella*-Nachweisrate bei Hackfleisch in Deutschland 2016 nach Monaten 30

Abb. 4.1.6: *Salmonella*-Nachweisrate bei Masthähnchenfleisch in Deutschland 2016 nach Monaten 30

Abb. 4.1.7: *Salmonella*-Nachweisrate in Planproben ausgewählter Lebensmittelgruppen 2011–2016 31

Abb. 4.1.9: Expositions-Trendanalyse: Korrelation menschlicher Infektionen mit S. Enteritidis und der Exposition mit S. Enteritidis durch kontaminierte Lebensmittel 2003-2016 (Quellen: BfR, RKI, BLE; vgl. Text) 34

Abb. 4.1.10: Expositions-Trendanalyse: Korrelation menschlicher Infektionen mit *S.* Typhimurium und der Exposition mit *S.* Typhimurium durch kontaminierte Lebensmittel 2003–2016 (Quellen: BfR, RKI, BLE; vgl. Text) 35

Abb. 4.1.11: Anteil Herden von Zuchthühnern (*Gallus gallus*), bei denen *Salmonella* spp. (Summe aller Serovare) oder einer der Top-5-Serovare nachgewiesen wurde, getrennt nach Untersuchungsgrund und Jahren (** sonstige Top 5 = *S*. Hadar, *S*. Infantis, *S*. Virchow) 38

Abb. 4.1.12: Anteil der Legehennenherden während der Legephase, bei denen *Salmonella* spp. nachgewiesen wurden (Summe aller untersuchten Herden), getrennt nach Untersuchungsgrund für die Jahre 2008 bis 2016 40

Abb. 4.1.13. Anteil der Masthähnchenherden, bei denen 2009 bis 2016 *Salmonella* spp. nachgewiesen wurden 41

Abb. 4.1.14. Anteil der Zuchtputenherden, bei denen von 2010 bis 2016 *Salmonella* spp. nachgewiesen wurden 42

Abb. 4.1.15. Anteil der Mastputenherden, bei denen von 2010 bis 2016 *Salmonella* spp. nachgewiesen wurden 43

Abb. 4.1.16: *Salmonella*-Nachweisraten in Futtermitteln 2016, getrennt dargestellt nach Behandlungsstufen 48

Abb. 4.1.17: *Salmonella*-Nachweisraten in Fischmehl-Importen in 2016, getrennt dargestellt nach Importstaat 49

Abb. 4.1.18: *Salmonella*-Nachweisraten in Fleischfresserfutter-Importen 2016, getrennt dargestellt nach Importstaat 50

Abb. 4.2.1: *Campylobacter*-Infektionen beim Menschen 2002–2016 (Quelle: RKI, 2017) 105

Abb. 4.2.2 Verteilung der Keimzahlen (KbE/g) von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof (N=274) 107

Abb. 4.2.3: *Campylobacter* spp. in ausgewählten Lebensmittel-Planproben 2013–2016 110

Abb. 4.2.4: *Campylobacter*-Spezies in ausgewählten Lebensmittel-Planproben 2016 im Vergleich zu 2015 110

Abb. 4.2.5: Übersicht über die Ergebnisse der *Campylobacter*-Untersuchungen bei Masthähnchenfleisch 2016 111

Abb. 4.2.6: Expositions-Trendanalyse: Korrelation menschlicher Infektionen mit *Campylobacter* mit der Exposition gegenüber kontaminierten Lebensmitteln (*Campylobacter*-Nachweisrate in Planproben 2003–2016; Quellen: BfR, RKI, BLE; vgl. Text) 112

Abb. 4.2.8: *Campylobacter* in Planproben vom Geflügelfleisch im Vergleich zu wöchentlichen humanen *Campylobacter jejuni*-Fällen 2016 113

Abb. 4.2.9: *Campylobacter jejuni* in Planproben vom Geflügelfleisch im Vergleich zu wöchentlichen humanen Fällen 2016 114

Abb. 4.3.1: Gemeldete *E. coli*-Infektionen (EHEC) sowie HUS-Erkrankungen beim Menschen 2002–2016 (n. RKI, 2017: nach IfSG) 128

Abb. 4.3.2: *E. coli* (STEC/VTEC) in ausgewählten Lebensmittel-Planproben 2011–2016 131

Abb. 4.3.3: Wöchentliche Verteilung nach den Einzeldaten-Mitteilungen aus sieben Ländern über STEC/VTEC-Nachweise aus Hackfleischzubereitungen, 2016, korreliert mit den zeitgleichen humanen Erkrankungen mit EHEC oder HUS 132

Abb. 4.3.4: Länderverteilung von STEC/VTEC-Nachweisen aus Wildfleisch 2016 (Fleisch von allen Wildtieren) 133

Abb. 4.4.1: *Yersinia enterocolitica* bei menschlichen Infektionen 2002–2016 (n. RKI, 2016: nach IfSG) 145

Abb. 4.4.2: *Y. enterocolitica* in ausgewählten Lebensmittel-Planproben 2011–2016 147

Abb. 4.5.1: Vorkommen von Infektionen mit *L. monocytogenes* beim Menschen 2002–2016 (n. RKI, 2017: nach IfSG) 153

Abb. 4.5.2: Vorkommen von *L. monocytogenes* in Planproben der wichtigsten Lebensmittel-Gruppen 2012–2016 157

Abb. 4.5.3: Keimzahlen von *L. monocytogenes* in Lebensmittel-Planproben 2016 158

Abb. 4.6.1: Länderverteilung von *Mycobacterium avium paratuberculosis* bei Rindern (Einzeltiere) 2016 177

Abb. 4.10.1: Übersicht über die Verteilung der epidemiologisch wichtigsten MRSA-Gruppen (eingeteilt aufgrund ihres spa-Typs bzw. ihrer Zugehörigkeit zum klonalen Komplex) bei den Isolaten aus den verschiedenen Herkünften 201

Abb. 4.16.1: Länder-Übersicht über *Echinococcus*-Nachweise bei Füchsen 2016 224

6 Tabellenverzeichnis

Tab. 3.2.1: Übersicht über die im Zoonosen-Monitoring 2015 durchgeführten Untersuchungsprogramme mit geplanten Untersuchungszahlen 19

Tab. 4.1.1: Prävalenz von *Salmonella* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Masthähnchen sowie in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel 2016 25

Tab. 4.1.2: Serovare der eingesandten *Salmonella*-Isolate aus den Programmen der Hähnchen- (N=47) und Putenfleischkette (N=65) sowie weiteren Programmen 26

Tab. 4.1.3: Untersuchung von Zuchthühnern (*Gallus gallus*) nach VO (EU) Nr. 200/2010 im Jahr 2016 37

Tab. 4.1.4: Untersuchung von Legehennen (*Gallus gallus*) nach VO (EG) Nr. 517/2011 im Jahr 2016 40

Tab. 4.1.5: Untersuchung von Masthähnchen (*Gallus gallus*) nach VO (EG) Nr. 200/2012 im Jahr 2016 41

Tab. 4.1.6: Untersuchung von Mastputen nach VO (EG) Nr. 1190/2012 im Jahr 2016 43

Tab. 4.1.7: Schlachthofuntersuchungen 2016 – *SALMONELLA*[1] 53

Tab. 4.1.8: Fleisch und Erzeugnisse, Planproben 2016 – *SALMONELLA*[1] 55

Tab. 4.1.9: Geflügelfleisch, Fische und Erzeugnisse, Planproben 2016 – *SALMONELLA* 59

Tab. 4.1.10: Masthähnchenfleisch, regional, Planproben 2016 – *SALMONELLA* 62

Tab. 4.1.11: Konsumeier und Erzeugnisse, Planproben 2016 – *SALMONELLA* 63

Tab. 4.1.12: Konsumeier, regional, Planproben 2016 – *SALMONELLA* 64

Tab. 4.1.13: Milch und Erzeugnisse, Planproben 2016 – *SALMONELLA* 64

Tab. 4.1.14: Sonstige Lebensmittel, Planproben 2016 – *SALMONELLA* 66

Tab. 4.1.15: Lebensmittel, Planproben, nur aus dem Einzelhandel 2016 – *SALMONELLA* 69

Tab. 4.1.16: Lebensmittel, Anlassproben 2016 – *SALMONELLA* 71

Tab. 4.1.17: Lebensmittel – Hygiene-Untersuchungen 2016 – *SALMONELLA* 76

Tab. 4.1.18: Lebensmittel – Sonstige Untersuchungen 2016 – *SALMONELLA* 76

Tab. 4.1.19 a): Nutzgeflügel 2016 – *SALMONELLA* (Herden) 78

Tab. 4.1.19 b): Nutzgeflügel 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere) 81

Tab. 4.1.20: Sonstige Vögel 2016 – *SALMONELLA* 83

Tab. 4.1.21 a): Rinder 2016 – *SALMONELLA* (Herden) 84

Tab. 4.1.21 b): Rinder 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere) 86

Tab. 4.1.22 a): Schweine 2016 – *SALMONELLA* (Herden) 87

Tab. 4.1.22 b): Schweine 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere) 88

Tab. 4.1.23 a): Übrige Nutztiere 2016 – *SALMONELLA* (Herden) 90

Tab. 4.1.23 b): Übrige Nutztiere 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere) 91

Tab. 4.1.24: Heim- und Zootiere 2016 – *SALMONELLA* (Einzeltiere) 92

Tab. 4.1.25: Wildtiere – 2016 – *SALMONELLA* 96

Tab. 4.1.26: Futtermittel, Inland und Binnenmarkt 2016 – *SALMONELLA* 98

Tab. 4.1.27: *SALMONELLA* in Futtermittel, Inland und Binnenmarkt, nach Handelsstufen 2016 100

Tab. 4.1.28: Tierische Futtermittel, Importe aus Drittländern 2016 – *SALMONELLA* 102

Tab. 4.1.29: Umweltproben 2016 – *SALMONELLA* 104

Tab. 4.2.1: Prävalenz von *Campylobacter* spp. in Proben von Blinddarminhalt und Schlachtkörpern von Masthähnchen sowie in Proben von frischem Hähnchenfleisch im Einzelhandel 2016 107

Tab. 4.2.2: Quantitative Bestimmung von *Campylobacter* spp. in Halshautproben von Masthähnchen am Schlachthof 107

Tab. 4.2.3 Ergebnis der Speziesbestimmung der Campylobacter-Isolate im Zoonosen-Monitoring 2016 108

Tab. 4.2.4: Lebensmittel-Planproben 2016 – *CAMPYLOBACTER* 117

Tab. 4.2.5: Lebensmittel-Anlassproben 2016 – *CAMPYLOBACTER* 120

Tab. 4.2.6 a): Tiere 2016 – *CAMPYLOBACTER* (Herden) 122

Tab. 4.2.6 b): Tiere 2016 – CAMPYLOBACTER (Einzeltiere) 124

Tab. 4.3.1: Prävalenz von STEC/VTEC in Proben im Rahmen des Zoonosen-Monitorings 2016 129

Tab. 4.3.2: Ergebnisse der Untersuchung eingesandter STEC/VTEC- Isolate aus Wildschweinkot auf Shigatoxin einschließlich der codierenden Gene sowie des *eae*- und des *e-hly*-Gens 129

Tab. 4.3.3: Lebensmittel-Planproben 2016 – E. COLI (STEC/VTEC)[1] 136

Tab. 4.3.4: Lebensmittel-Anlassproben 2016 – *E. COLI* (STEC/VTEC) 141

Tab. 4.3.5 a): Tiere 2016 – E. COLI (STEC/VTEC) (Herden/Gehöfte) 143

Tab. 4.3.5 b): Tiere 2016 – *E. COLI* (STEC/VTEC) (Einzeltiere) 144

Tab. 4.4.1: Lebensmittel-Planproben 2016 – *Y. ENTEROCOLITICA* 149

Tab. 4.4.2: Lebensmittel-Anlassproben 2016 – *Y. ENTEROCOLITICA* 150

Tab. 4.4.3 a): Tiere 2016 – *Y. ENTEROCOLITICA* (Herden/Gehöfte) 151

Tab. 4.4.3 b): Tiere 2016 – *Y. ENTEROCOLITICA* (Einzeltiere) 152

Tab. 4.5.1: Prävalenz von *L. monocytogenes* in Proben von Tomaten und Sprossen im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen) 154

Tab. 4.5.2: Quantitative Bestimmung von *L. monocytogenes* in Proben von von Sprossen im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen und Großmarkt) 154

Tab. 4.5.3: Lebensmittel-Planproben 2016 – *L. MONOCYTOGENES*[1] 161

Tab. 4.5.4: Lebensmittel-Anlassproben 2016 – *L. MONOCYTOGENES* 167

Tab. 4.5.5: *LISTERIA MONOCYTOGENES* in Lebensmitteln 2016, quantitative Untersuchungen – Planproben 170

Tab. 4.5.6: *LISTERIA MONOCYTOGENES* in Lebensmitteln 2016, quantitative Untersuchungen – Anlassproben 171

Tab. 4.5.7 a): Tiere 2016 – *L. MONOCYTOGENES* (Herden/Gehöfte) 172

Tab. 4.5.7 b): Tiere 2016 – *L. MONOCYTOGENES* (Einzeltiere) 173

Tab. 4.6.1 a): Tiere 2016 – *MYCOBACTERIUM* (Herden/Gehöfte) 178
Tab. 4.6.1 b): Tiere 2016 – *MYCOBACTERIUM* (Einzeltiere) 179
Tab. 4.6.2 a): Tiere 2016 – *M. AVIUM PARATUBERCULOSIS* (Herden/Gehöfte) 181
Tab. 4.6.2 b): Tiere 2016 – *M. AVIUM PARATUBERCULOSIS* (Einzeltiere) 181
Tab. 4.7.1 a): Tiere 2016 - *BRUCELLA* (Herden/Gehöfte) 184
Tab. 4.7.1 b): Tiere 2016 – *BRUCELLA* (Einzeltiere) 185
Tab. 4.8.1 a): Tiere 2016 – *CHLAMYDOPHILA* (Herden/Gehöfte) 189
Tab. 4.8.1 b): Tiere 2016 – *CHLAMYDOPHILA* (Einzeltiere) 190
Tab. 4.9.1 a): Tiere 2016 – *COXIELLA BURNETII* (Herden/Gehöfte) 195
Tab. 4.9.1 b): Tiere 2016 – *COXIELLA BURNETII* (Einzeltiere) 195
Tab. 4.9.1 c): Tiere 2016 – *COXIELLA BURNETII* (Einzeltiere) 196
Tab. 4.9.1 d): Tiere 2016 - *COXIELLA BURNETII* (Einzeltiere) 196
Tab. 4.10.1: Lebensmittel-Planproben 2016 – *Staphylococcus*-Enterotoxine 198
Tab. 4.10.2: Lebensmittel-Anlassproben 2016 – *Staphylococcus*-Enterotoxine 199
Tab. 4.10.3: Prävalenz von MRSA-verdächtigen *S. aureus* in Proben von frischem Hähnchen und Puten-fleisch im Einzelhandel (und Großhandel sowie Einfuhrstellen) 2016 200
Tab. 4.10.4: Lebensmittel-Planproben 2016 - *Staphylococcus aureus* MRSA 202
Tab. 4.10.5: Prävalenz von MRSA-verdächtigen *S. aureus* in Kotproben von Wildschweinen 2016. Keines der Isolate wurde im Nationalen Referenzlabor als MRSA bestätigt. 203
Tab. 4.10.6: Prävalenz von MRSA-verdächtigen S. aureus in Staub- und Hauttupfern von Masthähnchen 2016 203
Tab. 4.10.7 a): Tiere - Untersuchungen der Länder 2016 – MRSA 204
Tab. 4.10.7 b): Tiere - Untersuchungen der Länder 2016 – MRSA 205
Tab. 4.11.1: Lebensmittel-Planproben 2016 – *Cronobacter* 210
Tab. 4.12.1: Tiere 2016 – Tollwut-Virus (Lyssavirus) 212
Tab. 4.13.1: Tiere 2016 – West-Nile-Virus 214
Tab. 4.14.1: Tiere 2016 – *TRICHINELLA* 216
Tab. 4.14.2: Übersicht über die an das BfR im Rahmen der Zoonosenberichterstattung gemeldeten Untersuchungen und *Trichinella*-Nachweise bei freilebenden Wildtieren für das Jahr 2016 nach Ländern 217
Tab. 4.15.1: Tiere 2016 – *TOXOPLASMA* (Einzeltiere) 221
Tab. 4.16.1: Tiere 2016 – *ECHINOCOCCUS* 225