

Zoonose-Monitoring in der Lebensmittelkette in M-V 2024

Für die Bewertung der Entwicklungstendenzen von Zoonosen und Zoonoseerregern sowie der Quellen von Erkrankungen des Menschen wird bundesweit einheitlich das Zoonosen-Monitoring gemäß Zoonosen-Stichprobenplan durchgeführt. Für die Erstellung des Zoonosen-Stichprobenplans 2024 wurde gemäß § 6 Absatz (5) der AVV Zoonosen Lebensmittelkette geprüft, welche Untersuchungsergebnisse aus sonstigen laufenden Monitoring-, Überwachungs- oder Bekämpfungsprogrammen berücksichtigt werden können. Diese Untersuchungszahlen werden bei der Gesamtprobenzahl gemäß § 4 Absatz (1) teilweise angerechnet. Weiterhin wurde geprüft, welche der entnommenen Proben und Isolate im Rahmen des Zoonosen-Stichprobenplans 2024 mitverwendet werden können.

Übergreifendes Ziel ist, eine umfassende Bewertung der Entwicklungstendenzen von Zoonosen und Zoonoseerregern einschließlich Antibiotikaresistenzen sowie der Quellen von Erkrankungen des Menschen vornehmen zu können. Hierdurch soll auch die Durchführung wichtiger Komponenten der Richtlinie 2003/99/EG sowie des Durchführungsbeschlusses (EU) 2020/1729 sichergestellt werden. Antimikrobielle Substanzen resistenter Keime, auch multiresistente, sind weit verbreitet und werden durch den Einsatz von Antibiotika selektiert. Die Faktoren, die zu der Verbreitung dieser Erreger beitragen, sind jedoch zahlreich und ihre Zusammenhänge komplex.

Sowohl in der Human- als auch in der Veterinärmedizin gibt es zum Teil erhebliche Probleme mit Resistenzen. Der Umfang dieses sich teilweise überschneidenden gemeinsamen Resistenzproblems und die Übertragungswege unterscheiden je nach betrachtetem Keim. Einzig eine gemeinsame vorbeugende Bekämpfungsstrategie von Veterinärmedizin und Humanmedizin (One Health-Ansatz) gegen die Ausbreitung von antibiotikaresistenten Erregern kann daher erfolgreich sein.

Bei der Auswahl der im Zoonosen-Stichprobenplan 2024 zu betrachtenden Erreger, Produkte (Futtermittel, Tiere, Lebensmittel) sowie Stufen der Lebensmittelkette wurde der bisherige Erkenntnisstand sowie das jeweilige Risiko für die Gesundheit des Menschen berücksichtigt. Der Schwerpunkt der Programme für 2024 lag auf den Produktionsketten von Hähnchen- und Putenfleisch (konventionell und ökologisch). Für die Schätzung des möglichen Eintrags verschiedener Mikroorganismen in die Lebensmittelkette bzw. der Verbreitung dieser Bakterien in der Umwelt sollten zudem Garnelen und Fleisch von Wildwiederkäuern beprobt werden. Als pflanzliche Lebensmittel wurden verzehrfertige Blattsalate, Sesamprodukte und verschiedene Mehle betrachtet. Zudem war die Untersuchung von Kottupfern von Rehwild Bestandteil des Zoonosenstichprobenplans.

Entsprechend wurden folgende Ziele für die Beprobung festgelegt:

- in der Primärproduktion: die Prävalenz der Erreger in deutschen Erzeugerbetrieben abzuschätzen;
- zu Beginn oder während des Schlachtprozesses: den Eintrag der Erreger in den Schlachthof abzuschätzen. Hierbei sollten ausschließlich solche Tiere beprobt werden, die in Deutschland gemästet wurden;
- am Ende des Schlachtprozesses: die Verschleppung der Erreger auf das Lebensmittel und den Eintrag in die Lebensmittelverarbeitung abzuschätzen;
- bei Wildtieren: um den Austausch von (resistenten) Keimen zwischen der Umwelt und der Tierhaltung sowie den Lebensmittelketten zu reflektieren;
- im Einzelhandel: den Kontaminationsstatus des Lebensmittels mit den Erregern abzuschätzen, mit dem es direkt in den Haushalt des Endverbrauchers gelangt. Hierbei bleibt unberücksichtigt, ob das Lebensmittel verzehrfertig ist oder einer Behandlung unterzogen werden soll;
- Durch die Erweiterung der Probenahmeorte für Lebensmittel im Einzelhandel, die direkt in den Haushalt des Endverbrauchers gelangen, auf den Großhandel (ggf. soweit dort die Lebensmittel bereits in der Endverpackung für die Abgabe an den Haushalt des Verbrauchers vorliegen) sollte die Probenahme insgesamt erleichtert werden. Hierbei waren die spezifischen Hinweise zum Probenahmeort bei den einzelnen Programmen zu beachten

Aufgrund fehlender Betriebsstrukturen bzw. Produktpaletten beteiligte M-V sich nicht an Programmen der Grenzkontrollstellen.

Das Untersuchungsspektrum umfasste 2024 folgende Zoonoseerreger:

- *Salmonella* spp.
- *Campylobacter* spp.
- *Listeria monocytogenes*
- Shigatoxin-bildende *Escherichia (E.) coli* (STEC)
- Methicillin-resistente *Staphylococcus aureus* (MRSA)
- kommensale *E. coli*
- Extended-Spektrum-Beta-Laktamase- und AmpC-Beta-Laktamase-bildende *E. coli* (ESBL/AmpC-bildende *E. coli*)
- Carbapenemase-bildende *E. coli*
- *Enterococcus faecium* und *Enterococcus faecalis*
- *Yersinia enterocolitica*
- präsumtive *Bacillus cereus*
- Norovirus
- Hepatitis A Virus
- *Vibrio* spp.

Zoonose-Erreger 2024 bei Masthähnchen im Erzeugerbetrieb (EB2Kk, EB2Sk, EB2Kk, EB2Sö)

Zur Untersuchung in der Primärproduktion von Masthähnchen sollten Kot- sowie Staubtupfer aus Erzeugerbetrieben verwendet werden. Hierdurch sollte eine Aussage zum Vorkommen der betrachteten Erreger im Tierbestand gewonnen werden. Im Zoonosen-Monitoring wurden 2016, 2018, 2020 und 2022 Untersuchungen zur Prävalenz von Zoonoseerregern bei Masthähnchen durchgeführt. Der Fokus lag 2024 hierbei auf kommensalen *E. coli*, ESBL/AmpC-*E. coli* und Carbapenemase-bildende *E. coli* in Blinddarmkotproben und MRSA in Staubtupfern.

Im Jahr 2024 konnten in MV keine MRSA in Staubtupfern (n = 28) aus Hähnchenmastbetrieben (n = 21) nachgewiesen werden. Kommensale *E. coli* hingegen wurden in sämtlichen Kotproben (n = 30) in allen Betrieben (n = 22) nachgewiesen. Hierbei war es unerheblich ob es sich um einen konventionellen oder ökologischen Betrieb handelte. ESBL-bildende *E. coli* konnten nur in 10 Kotproben konventionell gehaltenen Hähnchen nachgewiesen werden. Dies entspricht einem relativen Anteil von 56 % bei den konventionell gehaltenen Hähnchen. Carbapenemase-bildende *E. coli* wiederum konnten nur in 2 Kotproben von ökologisch gehaltenen Masthähnchen nachgewiesen werden. Dies entspricht einem relativen Anteil von 60 % bei den ökologisch gehaltenen Masthähnchen.

Tabelle 1: Übersicht der Ergebnisse der Programme EB2Kk, EB2Sk, EB2Kö, EB2Sö des Zoonosenstichprobenplans 2024 für MV

Tierart	Material	Betriebe	Anzahl Proben	davon nachgewiesen			
				MRSA	kommensale <i>E. coli</i>	ESBL/AmpC- <i>E. coli</i>	Carbapenemase-bildende <i>E. coli</i>
		n	n	n	n	n	n
Masthähnchen (EB2), konventionell (k)	Kotproben (K)	15	18		18	10	0
	Staubtupfer (S)	14	17	0			
Masthähnchen (EB2), ökologisch (ö)	Kotproben (K)	7	12		12	0	2
	Staubtupfer (S)	7	11	0			

Prävalenz von Zoonose-Erregern beim Masthähnchen und Mastputen im Schlachthof (SH2Bd, SH2Hh, SH3Bd, SH3Hh)

Die **33** beprobten **Masthähnchenschlachtchargen** und **9 Mastputenschlachtchargen** stammten aus **verschiedenen in M-V ansässigen konventionellen** Mastbetrieben. Salmonellen und *Enterococcus* spp. konnten in keiner Probe nachgewiesen werden.

Campylobacter konnten in insgesamt 16 Proben nachgewiesen werden, wovon 6 Nachweise aus Blinddarmkotproben (davon 6x *C. jejuni*) und 5 aus Halshautproben (davon 3x *C. jejuni*, 2x *C. coli*, 1x *C. lari*) bei Masthähnchen stammten. Im Falle der Mastputen konnten bei 4 Blinddarmkotproben (davon 3x *C. jejuni*, 1x *C. coli*) Campylobacter nachgewiesen werden.

MRSA konnte in 10 Halshautproben ermittelt werden. Hierbei entstammten alle positiven Befunde von Masthähnchen.

Kommensale *E. coli* wurden in allen Kotproben nachgewiesen. Zusätzlich wurden die Blinddarmkotproben auf 2 Vertreter der gramnegativen und antibiotikaresistenten *E. coli* untersucht. Hierbei wurden im Falle der Masthähnchen 6 Proben positiv und im Falle der Mastputen 3 Proben positiv auf ESBL/AmpC bildende *E. coli* getestet. Carbapenemase-bildende *E. coli* konnten in keiner Blinddarmkotprobe ermittelt werden.

Tabelle 2: Übersicht der Ergebnisse der Programme SH2Bd, SH2Hh, SH3Bd, SH3Hh des Zoonosenstichprobenplans 2024 für MV

Lebensmittel	Material	Anzahl Schlachtchargen n	davon nachgewiesen													
			Salmonellen		Campylobacter		MRSA		kommensale <i>E. coli</i>		ESBL/AmpC- <i>E. coli</i>		Carbapen. <i>E. coli</i>		Enterococcus spp.	
			n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Masthähnchen (SH2)	Blinddarmkotproben (Bd)	15	0	0,0	6	40,0			15	100,0	6	40,0	0	0,0	0	0,0
	(Hals)hautproben (Hh)	18	0	0,0	6	33,3	10	55,6								
Mastpute (SH3)	Blinddarmkotproben (Bd)	5	0	0,0	4	80,0			5	100,0	3	60,0	0	0,0	0	0,0
	(Hals)hautproben (Hh)	4	0	0,0	0	0,0	0	0,0								
Gesamt		43	0	0,0	16	69,6	10	45,5	20	100,0	9	45,0	0	0,0	0	0,0

Die Nachweise in der Primärproduktion und im Schlachthof zeigen, dass es bei der Lebensmittelgewinnung zu einer Kontamination mit Zoonoseerregern, aber auch resistenten Keimen kommen kann, die dann beim Verbraucher ankommen.

Zoonose-Erreger in Rehwildkot (WI5)

Tabelle 3: Übersicht der Ergebnisse des Programms WI5 des Zoonosenstichprobenplans 2024 für MV

Tierart	Material	Anzahl Proben	davon nachgewiesen							
			Salmonellen		Campylobacter		STEC		ESBL/AmpC- E.coli	
			n	%	n	%	n	%	n	%
Rehwild	Kottupfer	11	0	0,0	0	0,0	3	27,3	1	9,1

Bei den untersuchten Kotproben vom Rehwild (n = 11) konnten weder Salmonellen noch Campylobacter nachgewiesen werden. In 3 Proben konnte STEC und in 1 Probe ESBL/AmpC- E.coli ermittelt werden. Demnach können auch bei Tieren aus der freien Wildbahn resistente Keime nachgewiesen werden.

Kontaminationsstatus von Lebensmitteln im Einzelhandel bei Hähnchen- (konventionell und ökologisch), Puten- und Wildwiederkäuerfleisch, sowie Garnelen, verzehrfähigen Blattsalaten, Sesamprodukten, Reis-, Mais- und Buchweizenmehl (EH2K, EH2Ö, EH3, EH51, EH84, EH 912, EH93 und EH95 (a, b, c))

Die Probenahme von Lebensmitteln im Einzelhandel, wie sie direkt in den Haushalt des Endverbrauchers gelangen, beleuchtet am besten den Eintrag in den Haushalt und damit die Anforderungen an die Haushaltshygiene bzw. die potentielle Exposition des Verbrauchers. Auf Basis dieser Daten kann ggf. auch ein regionaler Vergleich zwischen Expositionshäufigkeit und Erkrankungshäufigkeit durchgeführt werden.

Tabelle 4: Übersicht 1 der Ergebnisse der Programme EH2K, EH2Ö, EH3, EH51, EH84, EH 912, EH93 und EH95 (a, b, c, d) des Zoonosenstichprobenplans 2024 für MV

Lebensmittelgruppe	Anzahl	davon nachgewiesen											
		Salmonellen		STEC		MRSA		kommensale E.coli		ESBL/AmpC- E. coli		Carbapem.-bild. E. coli	
		n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Hähnchenfleisch, konventionell (EH2K)	7	0	0,0			0	0,0	6	85,7	3	42,9	0	0,0
Hähnchenfleisch, ökologisch (EH2Ö)	9	0	0,0			0	0,0	6	66,7	0	0,0	0	0,0
Putenfleisch (EH3)	8	0	0,0			2	25,0	7	87,5	1	12,5	0	0,0
Wildwiederkäuerfleisch (EH51)	10	0	0,0	4	40,0			2	20,0	0	0,0		
Garnelen (EH84)	6	1	16,6	0	0,0	3	50,0			1	16,7		
Blattsalate, verzehrfähig (EH912)	7	0	0,0	0	0,0								
Sesamprodukte (Tahini, Halva) (EH93)	6	2	33,3										
Reismehl (EH95a)	2	0	0,0	0	0,0								
Maismehl (EH95b)	1	0	0,0	0	0,0								
Buchweizenmehl (EH95c)	2	0	0,0	0	0,0								
Grünkernmehl (EH95d)	0	0	0,0	0	0,0								
Gesamt	58	3	5,2	4	14,3	5	16,7	21	61,8	5	12,5	0	0,0

Tabelle 5: Übersicht 1 der Ergebnisse der Programme EH2K, EH2Ö, EH3, EH51, EH84 EH 912, EH93 und EH95 (a, b, c, d) des Zoonosenstichprobenplans 2024 für MV

Lebensmittelgruppe	Anzahl	davon nachgewiesen													
		Campylobacter		Listeria monocytogenes		Yersinia enterocolitica		Präsumtive B. cereus		Norovirus		Hepatitis A		Vibrio spp.	
		n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%	n	%
Hähnchenfleisch, konventionell	7	1	14,3												
Hähnchenfleisch, ökologisch	9	1	11,1												
Putenfleisch	8	0	0,0												
Wildwiederkäuerfleisch	10	0	0,0	1	10,0	0	0,0								
Garnelen	6	0	0,0	0	0,0									2	33,3
Blattsalate, verzehrfähig	7			1	14,3			0	0,0	0	0,0	0	0,0		
Sesamprodukte (Tahini, Halva)	6														
Reismehl	2														
Maismehl	1														
Buchweizenmehl	2														
Grünkermehl	0														
Gesamt	58	2	5,0	2	8,7	0	0,0	0	0,0	0	0,0	0	0,0	2	33,3

Salmonellen konnten 2024 lediglich in 1 Garnelenprobe und in 2 Tahinproben nachgewiesen werden. Die Beprobung von Tahin beruhte auf vorhergehenden Salmonelloseerkrankungen in der EU, welche durch Sesam als Infektionsvehikel ausgelöst wurden.

STEC konnte in 4 Proben Wildwiederkäuerfleisch festgestellt werden, wohingegen alle weiteren Proben auch von anderen Lebensmitteln negativ waren.

Kommensale E. coli wurden in allen untersuchten Fleischsorten in unterschiedlichen Anteilen nachgewiesen.

Campylobacter konnten in 2 Proben vom Hähnchenfleisch ermittelt werden. Hierbei entfiel je 1 Probe auf Fleisch aus konventioneller Haltung und 1 Probe auf Fleisch aus ökologischer Haltung.

Auch Listeria monocytogenes konnte in 2 Proben nachgewiesen werden. Hier entfiel 1 Probe auf Fleisch von Wildwiederkäuern und 1 Probe auf verzehrfähige Blattsalate.

Vibrionen treten häufig in Fisch und Meeresfrüchten auf. So konnten diese Bakterien 2024 in 2 Garnelenproben nachgewiesen werden.

Yersinia enterocolitica, Noroviren oder Hepatitis A konnten in keiner der untersuchten Proben ermittelt werden.

Auf Basis der Untersuchungsergebnisse, auch von 2024, kann das Vorkommen von Zoonose-Erregern bei rohen Lebensmitteln nicht ausgeschlossen werden, so dass der sachgerechte Umgang mit Lebensmitteln (Vermeiden küchentechnischer Fehler) durch den Verbraucher ein wichtiges Kriterium bleibt. Das gleichzeitige Bearbeiten von Rohmaterialien und Zubereiten von Speisen im Haushalt kann zum Verschleppen von Erregern (Kreuzkontamination) führen. Außerdem stellen veränderte Verzehrgewohnheiten (Kurzzeiterhitzung, unvollständige Durcherhitzung) eine zunehmende Gefährdung dar, auf die die Verbraucher aufmerksam gemacht werden müssen, damit sie sich der eigenen Verantwortung bei der Verhinderung von lebensmittelbedingten Erkrankungen bewusst werden. Dies trifft nicht nur auf tierische Lebensmittel zu, da auch immer wieder pflanzliche Lebensmittel als Quelle lebensmittelbedingter Krankheitsausbrüche identifiziert werden.

Antibiotikaresistenzen

Mit dem Durchführungsbeschluss (EU) 2020/1729 wird die Untersuchung auf das Vorkommen von resistenten Keimen mittels selektiver Verfahren in ausgewählten Matrices verbindlich vorgeschrieben. Die verpflichtend mit dem Durchführungsbeschluss vorgeschriebenen Untersuchungen wurden im ZSP 2024 entsprechend integriert. Hierbei wurden in MV die Erreger *Escherichia coli* und *Staphylococcus aureus* auf ihre Antibiotikaresistenz untersucht.

1. *Staphylococcus aureus*: Methicillin-Resistenz
2. *Escherichia coli*:
 - a. Beta-Laktamasen-Bildung (ESBL)
 - b. AmpC-Beta-Laktamasen-Bildung (AmpC)
 - c. Carbapenemasen-Bildung

Von den im Jahr 2024 insgesamt 101 auf ESBL/AmpC *E. coli* untersuchten Proben (alle Beprobungsebenen) wurden 25 (24,8 %) positiv befunden und durch das BfR bestätigt. Hiervon entfielen 20 positive Befunde auf Kotproben (53 Proben) und 5 positive Befund auf Lebensmittelproben (48 Proben).

Von den 66 auf Carbapenemase bildenden *E. coli* untersuchten Proben (alle Beprobungsebenen) wurden 2 (3,0 %) positiv befunden. Hiervon stammten 42 Proben von Geflügelkot und 24 Proben von Geflügelfleisch. Die positiven Befunde entstammten sämtlich aus Kotproben von ökologisch gehaltenen Masthähnchen.

Von den 73 MRSA untersuchten Proben (nur Lebensmittel) wurden 15 (20,5 %) positiv befunden. Hiervon entfielen 10 Befunde (von 18 Proben) auf Halshautproben bei Masthähnchen, 2 Befunde (von 8 Proben) auf Putenfleisch und 3 Befunde (von 6 Proben) auf Garnelen.

Die im LALLF im Rahmen des Zoonose-Monitorings isolierten Zoonose-Erreger werden entsprechend den Anforderungen des Durchführungsbeschlusses (EU) 2020/1729 isoliert. Die Isolate werden an das Nationale Referenzlabor des BfR zur Bestätigung und ggf. zur Resistenztestung eingeschickt. Um eine Typisierung der MRSA im Zusammenhang von epidemiologische Vergleichsuntersuchungen zu erreichen, werden die verschiedenen Subgruppen (Clonaler Complex CC) und Untertypen (Sequenztyp ST, spa-Typ spa) herangezogen, die ein bestimmtes Resistenzmuster charakterisieren. Der MRSA vom MLST-Typ CC398 mit den spa-Typen t034, t011 und t1451 kommt auch in Deutschland (Schwein, Hähnchen, Pute) vor. MRSA dieses Typs, die international auch als animal associated oder Livestock associated MRSA (LAMRSA, Tier-assoziierte MRSA) bezeichnet werden, finden sich auf allen Stufen der Lebensmittelkette, von der Primärproduktion bis zum Lebensmittel im Einzelhandel. Die im LALLF isolierten MRSA wurde im Nationalen Referenzlabor für koagulase-positive Staphylokokken einschließlich *Staphylococcus aureus* anhand des spa Gens, das ein Oberflächenprotein von *Staphylococcus aureus* codiert, typisiert. Im Jahr 2024 handelte es sich bei den MRSA-Isolaten um die spa-Typen t034 (9x Halshaut Masthähnchen, 1x Garnele), t899 (1x Halshaut Masthähnchen, 2x Putenfleisch, 1x Garnele) und t304 (1x Garnelen aus Bangladesch). Hiervon werden die spa-Typen t304 und t899 den LA-MRSA zugeordnet und sind typischerweise unter Nutztieren verbreitet. Der spa-Typ 304 wiederum wird den CA-MRSA zugeordnet und wird typischerweise außerhalb von Krankenhäusern von Mensch zu Mensch übertragen.