

BfR-Symposium: Zoonosen und Lebensmittelsicherheit

Berlin, 16.–17. November 2023

Impressum

BfR Abstracts

BfR-Symposium: Zoonosen und Lebensmittelsicherheit 2023

Für den Inhalt der Abstracts sind deren Autorinnen und Autoren verantwortlich.

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

Berlin 2023
36 Seiten

Inhalt

1	Programm	5	
2	Abstracts	8	
2.1	Results of Zoonoses Monitoring 2022		8
2.2	Jetzt wird es Wild – Prävalenzerfassung und Monitoring von Zoonoseerregern in Wildtieren in Brandenburg		10
2.3	Vibrio and Aeromonas in fresh water: a focus on <i>V. cholerae</i> and <i>A. salmonicida</i> two zoonotic “pathogens”?		11
2.4	<i>Vibrio</i> spp. in Aquakulturen: Fact or Fiction?		12
2.5	FoodChain-Lab: Regionale, nationale und globale Partnerschaften für interoperable Softwaretools zur Lebensmittlrückverfolgung		13
2.6	Rotaviren in Wildschweinen und Wildwiederkäuern in Brandenburg, 2019–2021		14
2.7	VBNC- <i>Campylobacter</i> in der Umwelt: Erkenntnisse aus Praxis und experimentellen Studien		15
2.8	<i>Cronobacter</i> and its adaptation to the low-moisture PIF production environment		17
2.9	Insekten als Nahrungsmittel		18
2.10	Bovine Meat and Milk Factors (BMMFs): was steckt dahinter?		20
2.11	Thermische Verfahren in der Broilerschlachtung und deren Wirkung auf <i>Campylobacter</i> bzw. Salmonellen		22
2.12	Hygienisierung von Prozesswässern im Geflügelschlachtprozess mittels organischen Säuren und Sauerstoffabspaltern		24
2.13	Containern: Mikrobiologische und sensorische Qualität von aus der Mülltonne entnommenen Lebensmitteln		26
2.14	Vorkommen von <i>Clostridioides difficile</i> in Lebensmitteln		28
2.15	Entwicklung Cluster-spezifischer PCR-Screening-Assays		30
2.16	Einfluss der Probenvorbereitung und Sequenzierung auf die Qualität von <i>short-read whole genome sequencing</i> -Daten		33
2.17	Vorkommen von Shiga-Toxin bildenden <i>E. coli</i> in Mehl		34
2.18	ZooNotify – Zoonosendaten aus der Lebensmittelkette verfügbar machen		35
3	Verzeichnis der Autorinnen und Autoren		36

Sehr geehrte Damen und Herren, liebe Teilnehmerinnen und Teilnehmer,

Nach der Pause im Jahr 2021 durch die Coronavirus-Pandemie veranstaltet das BfR in diesem Jahr wieder das Symposium Zoonosen und Lebensmittelsicherheit als Präsenzveranstaltung. Unser Ziel ist es, einen Überblick über aktuelle Themen bzw. neue Entwicklungen zu Zoonoseerregern entlang der Lebensmittelkette zu geben. Dabei geht es weniger um Vollständigkeit, sondern darum, spezifische Aspekte herauszugreifen und mit Ihnen zu diskutieren. Dafür haben wir Referentinnen und Referenten vom BfR, aus Deutschland und auch aus benachbarten EU-Staaten gewinnen können.

Das Programm umfasst einen bunten Strauß von Themen aus den Bereichen Monitoring, Überwachung und Ausbruchsanalyse, aber auch die Weiterentwicklung von Untersuchungsmethoden für den besseren Nachweis und Charakterisierung von Erregern in Lebensmitteln. Daneben werden aber auch aktuell diskutierte übergreifende Themen wie das „Containern“ im Spannungsfeld zwischen Reduktion der Lebensmittelverschwendung und der Lebensmittelsicherheit behandelt. Aber auch die wachsende Rolle von Insektenprotein in unserem künftigen Speiseplan – in Mitteleuropa nach wie vor nicht fest etabliert – werden wir vor allem unter dem Aspekt der Lebensmittelsicherheit diskutieren. Fest etabliert in den meisten Speiseplänen sind Rindfleisch und Milch und hier haben Fragen um mögliche Gesundheitsrisiken durch sogenannte „bovine meat and milk factors“ (BMMF) das BfR zu weitergehenden Untersuchungen veranlasst. Weiterhin geht es um *Clostridioides difficile*, einem Erreger schwerwiegender, antibiotikaassoziierter Infektionen in Krankenhäusern. Das BfR ist seit mehreren Jahren intensiv bemüht, eine mögliche Rolle von lebensmittelliefernden Tieren und von ihnen ausgehenden Lebensmittelinfektionen des Menschen aufzuklären und besser zu verstehen.

Alte Bekannte sind die Belastung des Geflügelfleisches mit *Campylobacter* und entsprechende Bemühungen, diese Bakterien in der Tierhaltung zu verringern oder ihre Übertragung auf die Schlachtkörper von Masthähnchen zu vermeiden – oder zumindest zu vermindern. Auch das Thema zu Erkrankungen durch *Cronobacter* ist nicht neu und wird in einem Vortrag aufgegriffen.

Die Rolle der Umwelt im Kontext One-Health wird in den Beiträgen zu Zoonoseerregern in Wild und in aquatischen Systemen adressiert. Das letztere Thema stellt auch eine Verbindung zum Klimawandel her, da davon auszugehen ist, dass mit steigenden Umgebungstemperaturen auch das aquatische Mikrobiom in Europa Veränderungen unterliegen wird.

Zum Abschluss des Symposiums werden wir uns auch den Fragen der Transparenz und Nachhaltigkeit beim „open Data“-Ansatz widmen. Das BfR hat hier mit dem Projekt „ZooNotify“ eine neue Plattform geschaffen, um die im Rahmen der Arbeit der Überwachungsbehörden und Bundeseinrichtungen gewonnenen Daten zum Vorkommen von Zoonoseerregern und relevanten Bakterien in der Lebensmittelkette und deren Resistenzeigenschaften öffentlich verfügbar und auch maschinell lesbar zu machen. Diese Datenauswertungen können so einerseits von den Einsendern direkt abgerufen werden, stehen aber auch für die wissenschaftliche Nachnutzung durch Dritte zur Verfügung. Ziel dieses Ansatzes ist, den mit Abstand besten Überblick über die Situation zu Zoonoseerregern und deren Resistenzen in Deutschland zu geben und aktuelle Trends besser erkennen zu können.

Diese Aktivitäten weiter zu entwickeln und die betroffenen „Stakeholder“ zusammenzubringen, ist seit Jahren der zentrale Antrieb des BfR zur Durchführung dieses Symposiums. Wir wünschen Ihnen eine interessante und gewinnbringende Tagung mit vielen guten Diskussionen.

1 Programm

Donnerstag, 16. November 2023

Moderation: PD Dr. B.-A. Tenhagen, Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin

10:00–10:15 Uhr	Begrüßung Prof. Dr. Karsten Nöckler, Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
10:15–10:45 Uhr	Ergebnisse Zoonosen-Monitoring 2022 Dr. Carolina Plaza-Rodriguez, Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
10:45–11:15 Uhr	Jetzt wird es Wild – Prävalenzerfassung und Monitoring von Zoonoseerregern in Wildtieren in Brandenburg Dr. Martin Richter, Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
11:15–11:45 Uhr	Kaffeepause
11:45–12:15 Uhr	<i>Vibrio</i> and <i>Aeromonas</i> in fresh water: a focus on <i>V. cholerae</i> and <i>A. salmonicida</i> two zoonotic “pathogens” Sandrine Baron, Agence nationale de sécurité sanitaire de l’alimentation, de l’environnement et du travail (Anses), Frankreich
12:15–12:45 Uhr	<i>Vibrio</i> spp. in Aquakulturen: fact or fiction? Dr. Jens André Hammerl, Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
12:45–14:15 Uhr	Mittagspause
14:15–14:45 Uhr	FoodChain-Lab: Regionale, nationale und globale Partnerschaften für interoperable Softwaretools zur Lebensmittelrückverfolgung Dr. Marion Gottschald, Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
14:45–15:15 Uhr	Rotaviren bei Wildschweinen und Wildwiederkäuern in Brandenburg, 2019–2021 Dr. Eva Trojnar, Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
15:15–15:45 Uhr	VBNC-<i>Campylobacter</i> in der Umwelt: Erkenntnisse aus Praxis und experimentellen Studien Dr. Anika Friese, Freie Universität Berlin, Berlin

15:45–16:15 Uhr	Kaffeepause
16:15–16:45 Uhr	<i>Cronobacter</i> and its adaptation to the low-moisture PIF production environment Prof. Dr. Guerrino Macori, University College Dublin, Irland
16:45–17:15 Uhr	Insekten als Nahrungsmittel Dr. Nils Grabowski, Tierärztliche Hochschule Hannover, Hannover
17:15–17:45 Uhr	Bovine Milk and Meat Factors (BMMFs): was steckt dahinter? Dr. Stephen Marino, Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
anschließend	Get-together

Freitag, 17. November 2023

Moderation: PD Dr. B.-A. Tenhagen, Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin

09.00–09.30 Uhr	Thermische Verfahren in der Broilerschlachtung und deren Wirkung auf <i>Campylobacter</i> bzw. Salmonellen PD Dr. Felix Reich, Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
09:30–10:00 Uhr	Hygienisierung von Prozesswässern im Geflügelschlachtprozess mittels organischen Säuren und Sauerstoffabspaltern Prof. Dr. Uwe Rösler, Freie Universität Berlin, Berlin
10:00–10:30 Uhr	Containern: Mikrobiologische und sensorische Qualität von aus der Mülltonne entnommenen Lebensmitteln Dr. Ann-Sophie Braun und Prof. Dr. Corinna Kehrenberg, Justus-Liebig-Universität Gießen, Gießen
10:30–11:00 Uhr	Kaffeepause
11:00–11:30 Uhr	Vorkommen von <i>Clostridioides difficile</i> in Lebensmitteln Dr. Anissa Scholtzek, Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
11.30–12:00 Uhr	Entwicklung Cluster-spezifischer PCR Screening Assays Dr. Janina Treffon, Universität Münster, Münster

12:00–12:30 Uhr	Einfluss der Probenvorbereitung und Sequenzierung auf die Qualität von <i>short-read whole genome sequencing</i>-Daten Dr. Leonie Forth, Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
12:30–13:30 Uhr	Mittagspause
13:30–14:00 Uhr	Vorkommen von Shiga-Toxin bildenden <i>E. coli</i> in Mehl Tomke Prüser, Landesamt für Verbraucherschutz Sachsen-Anhalt, Halle
14:00–14:30 Uhr	ZooNotify – Zoonosendaten aus der Lebensmittelkette verfügbar machen PD Dr. B.-A. Tenhagen, Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR), Berlin
14:30–15:00 Uhr	Schlusswort

2 Abstracts

2.1 Results of Zoonoses Monitoring 2022

Dr. Carolina Plaza-Rodriguez, PD Dr. Bernd-Alois Tenhagen

Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit

In order to be able to define appropriate measures to reduce the occurrence of zoonotic pathogens in livestock and food, monitoring of zoonotic pathogens at all stages of the food chain is of fundamental importance. By regularly collecting data on zoonotic pathogens, the Zoonoses Monitoring also provides information about the spread and development trends of zoonotic pathogens and the effectiveness of the control measures. In addition, with the resistance tests, representative data is obtained in the Zoonoses Monitoring for the assessment of the current situation and the development trends of resistance to antimicrobial substances in zoonotic pathogens and commensal bacteria. The general administrative regulation on the collection, evaluation and publication of data on the occurrence of zoonoses and zoonotic pathogens along the food chain (AVV Zoonoses Food Chain) is based on Directive 2003/99/EC and forms the basis for zoonoses monitoring. The German nationwide zoonoses sampling plan for zoonoses monitoring is drawn up jointly by the Federal Institute for Risk Assessment (BfR) and the Federal Office of Consumer Protection and Food Safety (BVL), and it is approved by the Zoonoses Committee after consultation with the Federal States. The zoonoses sampling plan for 2022 envisaged the examination of representative samples from compound feed plants, primary producers, manufacturing companies, slaughterhouses, border control posts, retailers and from wild. The pathogens for which the samples were examined were, on the one hand, the classic bacterial zoonotic pathogens *Salmonella* spp., *Campylobacter* spp. and *Listeria* (*L.*) *monocytogenes* and on the other hand, methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA), presumptive *Bacillus* (*B.*) *cereus*, commensal *Escherichia* (*E.*) *coli*, extended-spectrum beta-lactamase and AmpC beta-lactamase producing *E. coli* (ESBL/AmpC-producing *E. coli*), carbapenemase-producing *E. coli* and *Enterococcus faecium/faecalis*. For the first time, the Zoonoses Monitoring also included the hepatitis E virus and the parasitic zoonotic pathogens *Echinococcus* spp. and *Baylisascaris procyonis*. In the Zoonoses Monitoring 2022, the chicken and turkey meat production chains were included in accordance with the European legislation. In addition, the duck meat production chain, different plant-based foods at different stages of the production chain, pig liver and wild carnivores, were also examined.

The results of the Zoonoses Monitoring 2022 may indicate initial successes with the process hygiene criterion for *Campylobacter* on broiler carcasses introduced in 2018. The contamination of the carcasses with *Campylobacter* was significantly lower, and the proportion of neck skin samples with high *Campylobacter* bacterial counts of over 1,000 CFU/g fell slightly compared to previous years. Turkey carcasses again showed a high level of *Salmonella* contamination, while for the first time no *Salmonella* was detected in the cecum contents of the turkeys. Individual slaughterhouses were responsible for the high detection rates, which indicates significant hygiene deficiencies in these establishments. Fattening ducks were significantly more likely to be carriers of *Salmonella* and *Campylobacter* than fattening chickens and turkeys. Also striking was the high proportion of neck skin samples from fattening duck carcasses with *Campylobacter* bacterial counts of over 1000 CFU/g. The results make it clear that duck meat – like the meat of other types of poultry – should only be consumed thoroughly heated and that strict kitchen hygiene must be observed during preparation. At the same time,

they illustrate how successful the salmonella control programs are in broilers and turkeys, as just few or no salmonella were detected in the caecal contents of these animals. MRSA and ESBL/AmpC-producing *E. coli* were detected significantly less frequently in fattening ducks than in broilers and turkeys. These findings correlate with the overall lower resistance rates in isolates from fattening ducks compared to isolates from broilers and turkeys. The frequent detection of ESBL/AmpC-producing *E. coli* in broiler and turkeys is worrying due to the particular importance of the 3rd and 4th generation cephalosporins for human therapy, especially since, based on current scientific knowledge, it can be assumed that these resistant bacteria can also be transmitted to humans through the food consumption. What is positive is that with regard to MRSA detection rates in the broiler food chain, the downward trend observed in recent years continues and, for the first time, lower contamination rates with MRSA on turkey carcasses and in turkey meat compared to the results from previous years occurred. High detection rates of *L. monocytogenes* were found in poultry meat at incoming goods from poultry meat product manufacturers, but low contamination rates and bacteria levels in boiled sausage slices made from poultry meat at outgoing goods, which usually do not pose a health risk to humans. Worryingly high counts of *L. monocytogenes* were found in loose, blackened olives, posing a potential health risk. The results highlight the need to consistently educate consumers about the risks that blackened olives may pose. The results show that fresh pig liver is a possible source of infection for *Campylobacter* and *Hepatitis E* infections in humans. This is especially true for foods that contain raw pork liver. Lettuce represents a possible source of human infections with potentially pathogenic germs such as *Salmonella* and presumptive *B. cereus*, particularly because it is consumed without prior heating. The results confirm that foxes and raccoons are often carriers of parasites that are dangerous to humans. Appropriate protective measures should be observed when handling the animals or their feces.

The resistance rates were again higher for *E. coli* isolates from broilers than in turkeys, which correlates with the high frequency of antibiotic therapy observed in broilers. What was striking was the frequent occurrence of resistance to third-generation cephalosporins in isolates from the broiler food chain, particularly from imported chicken meat, especially since the use of cephalosporins in poultry is not permitted. The results show that problematic bacteria can be introduced through imported food. It is encouraging that there has been a significant decline in resistance to several antibiotics in fattening turkeys in recent years. *E. coli* isolates from fattening ducks had significantly lower resistance rates than those from broiler chickens and turkeys. The lowest resistance rates occurred among *E. coli* isolates from wild carnivores, indicating that there is no major accumulation of resistant bacteria in the animals in the environment. The results make it clear that efforts to reduce the use of antibiotics in farm animals must be further increased in order to achieve a reduction in resistance rates. A focus here should also be on reducing the use of critical antibiotics, especially those substances classified as HPCIA by the WHO. The urgency of reducing the use of fluoroquinolones is underlined by the still very high and in some cases increasing resistance rates among isolates from poultry meat chains to this class of substances.

The results of zoonoses monitoring provide information about what priorities should be set in monitoring. They provide important information that supports the authorities in taking appropriate measures to reduce the occurrence of zoonotic pathogens. With the overarching goal of reducing consumers' exposure to zoonotic pathogens, the Zoonoses Monitoring make an important contribution to consumer health protection.

2.2 Jetzt wird es Wild – Prävalenzerfassung und Monitoring von Zoonoseerregern in Wildtieren in Brandenburg

Dr. Martin Heinrich Richter

Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit

Hintergrund

Seit 2017 führt das BfR auf Bundesforstflächen in Zusammenarbeit mit dem 2018 am BfR gegründeten Studienzentrums für landnutzungsbezogene Bewertungsverfahren und One Health (LaBeOH) systematisch Studien zum Vorkommen zoonotischer Erreger in Wildtieren durch. Hierbei wird v. a. das Vorkommen zoonotischer Pathogene in Wildtieren, die als Wildbret verzehrt werden, untersucht. In Langzeitstudien sollen zudem Faktoren untersucht werden, die Einfluss auf Erregerprävalenzen haben können. Hierzu zählen insbesondere der Einfluss des Klimawandels, oder auch das Migrationsverhalten von Wirtstieren in bisher nicht oder seit langem nicht mehr besiedelte Ökosysteme. Gleichmaßen wird das Entstehen neuer oder das Besiedeln bereits bestehender ökologischer Nischen, die von bestimmten neuen (emerging) oder wiederauftretenden (re-emerging) Pathogenen besetzt werden, untersucht. Im Mittelpunkt stehen hierbei auch Untersuchungen zu den zoonotischen Eigenschaften dieser Pathogene und ihrem Gefährdungspotenzial für den Menschen.

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

Methoden

Im Rahmen eines Monitoringprojektes von Wildtieren wurden kontinuierlich zwischen den Jagdsaisons 2017/18 bis 2022/23 im Bundesland Brandenburg verschiedene Wildtierproben, u. a. Herzmuskel, Vorderlauf, Fett- und Bindegewebe, Zwerchfell, Leber, Zunge, Tonsillen und Blut auf das Vorkommen folgender Erreger beprobt: i) Parasiten: Toxoplasmen, Kryptosporidien, *Alaria alata* Mesozerkarien; ii) Bakterien: Yersinien, *Campylobacter*, Staphylokokken und iii) Viren: Rotaviren, Hep-E Viren. Neben der Isolierung wurden zur Diagnostik molekularbiologische (PCR, rt-PCR) und serologische Methoden (Immunofluoreszenz, ELISA, Western Blot) angewendet.

Diskussion und Ausblick

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

2.3 **Vibrio and Aeromonas in fresh water: a focus on *V. cholerae* and *A. salmonicida* two zoonotic “pathogens”?**

Sandrine Baron

Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses), Frankreich

Why a focus on *Vibrio cholerae* and *Aeromonas salmonicida*?

These two species share common features...

- Ecological niche similarities. *Vibrio cholerae* non-O1/non-O139 and *Aeromonas salmonicida* are both autochthonous bacteria of aquatic environments and euryhaline bacteria, present in all types of waters from fresh to saline water including wastewater (either raw or treated).
- These two species are characterised by a high genetic plasticity. *A. salmonicida* is known to harbour specific plasmids, and integrons, mainly class 1 and less often class 2. Globally, at the genus level, *Aeromonas* is described as a “gene sponge”. *Vibrio cholerae* harbours two chromosomes and Integrative Conjugative Elements (ICE) in particular of the SXT family.

Same questions about these two species could arise...

- Can they be considered as candidates to be potential indicators of antimicrobial resistance dissemination in the aquatic environment?

To become an indicator, several criteria should be fulfilled: (i) accurate and rapid identification tools (ii) an easy and frequent detection in aquatic environment (iii) a capacity to acquire and exchange genes (iv) cut-off values to categorise the isolates between wild type and non-wild.

- Can they be considered as zoonotic pathogen?

Aeromonas salmonicida is pathogenic for fish, mainly for salmonids, and its opportunistic pathogen status is discussed. Human infections caused by *Aeromonas salmonicida* have been reported. Recently mesophilic strains of *A. salmonicida* have been described and involved in humane infection.

Vibrio cholerae non-O1/non-O139 is an opportunistic human pathogen. Reports of animal infections, not only in aquatic animals, raise the question of its zoonotic potential.

These two questions are of particular interest, especially in the context of climate change. Indeed, the increase in water temperature will lead to an increase in the density and the frequency of both species in aquatic environments.

By presenting the research work carried out at the UMBA and the cooperation with the Vibrio Unit of the BfR. I will try to provide some answers to these questions.

2.4 *Vibrio* spp. in Aquakulturen: Fact or Fiction?

Dr. Claudia Jäckel, Jonas Nekat, Cornelia Göllner, Diana Manta, Dr. Jens Andre Hammerl

Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit, Konsiliarlabor für *Vibrio* spp. in Lebensmitteln

Vibrionen sind weltweit verbreitete Umweltkeime, die primär in aquatischen Habitaten vorkommen und Erkrankungen beim Tier und Menschen verursachen können. Dabei kann ein Verzehr von kontaminierten Meerestier- und Fischprodukten zu milden/moderaten Durchfallerkrankungen führen. Zunehmend werden aber auch schwere Krankheitsverläufe bzw. Wundinfektionen verzeichnet, die bis zum Tod führen können. Im Zuge des fortschreitenden Klimawandels und der kontinuierlichen und dauerhaften Erwärmung aquatischer Habitate, ist auch in Deutschland mit einer Zunahme derartiger Infektionen zu rechnen. Als humane Krankheitserreger treten insb. *V. cholerae*, *V. parahaemolyticus* und *V. vulnificus* in Erscheinung. Aber auch andere Spezies werden z. T. mit schweren Infektionsverläufen in Verbindung gebracht. Während die erlassene Meldepflicht (IfSG) ausschließlich humane Infektionen mit pathogenen *Vibrio* spp. erfasst, fehlen flächendeckende Daten zur Epidemiologie der einzelnen Spezies und der Vielfalt ihrer natürlichen Reservoirs.

Das DVG Konsiliarlabor für *Vibrio* spp. in Lebensmitteln (KL-Vibrio) am BfR geht diesen Fragen für Lebensmittel, Nutztiere aber auch Tierhaltungen (Aquakulturen) nach, um den Verbraucher vor Lebensmittelinfektionen zu schützen. Dabei liegt die Herausforderung nicht allein im Erregernachweis, sondern auch in der Bewertung von deren Bedeutung. Einige Spezies verfügen über Toxingene, die zweifelsfrei mit deren Pathogenität verbunden und diagnostisch leicht nachweisbar sind. Andere Spezies (z. B. *V. vulnificus*) weisen multiple Virulenzfaktoren auf, deren spezifische Regulation die Ausprägung der Pathogenität beeinflussen, aber in ihrer Gänze nur durch eine aufwendige Gesamtgenomsequenzierung zu erfassen sind. Die Anforderungen an den *Vibrio*-Nachweis sind in den letzten Jahren gestiegen. Neben dem methodisch anspruchsvollen Erregernachweis und der zweifelsfreien Identifizierung kommen auch neue Reservoirs hinzu die im Zuge des Verbraucherschutzes überwacht werden müssen. Auch die Einstufung spezifischer Spezies als Risikoagentien bedarf weiterer intensiver Grundlagenforschung.

In Deutschland wurde in den vergangenen Jahren stark am Aufbau von geschlossenen Aquakulturen gearbeitet, die mittlerweile flächendeckend über die Bundesländer verteilt sind. Erste Untersuchungen zeigen, dass auch diese geschlossenen Systeme Vibrionen aufweisen können, die z. T. auch als humanpathogen eingestuft wurden. Aber woher kommen diese Keime eigentlich und wie kann man ihnen gezielt entgegenwirken, um die Produkte so sicher wie möglich zu machen. Gerade für das Vorkommen und die Diversität von *Vibrio* spp. in Aquakulturen fehlt es an Monitoringdaten. Im Zuge einer Kooperation mit einer Aquakultur hat sich das BfR im Zuge eines Jahres intensiv mit der Untersuchung von Wasser- und Garnelenproben befasst, um Informationen zu Besiedlung und zur Diversität der Bakterien in diesem System zu generieren. Der Zuhörerschaft soll ein Einblick in die diagnostischen Arbeiten des KL-Vibrio in diesem Aquakulturprojekt präsentiert werden.

2.5 FoodChain-Lab: Regionale, nationale und globale Partnerschaften für interoperable Softwaretools zur Lebensmittellrückverfolgung

Dr. Marion Gottschald, Dr. Alexander Falenski, Marco Rügen, Latife Yüksel,
PD Dr. Bernd-Alois Tenhagen

Bundesinstitut für Risikobewertung; Abteilung Biologische Sicherheit

Lebensmittellieferketten werden immer globaler und komplexer. Daher sind effiziente Werkzeuge und Strategien für Erfassung, Austausch und Analyse von Lieferkettendaten unerlässlich für eine schnelle Reaktion auf lebensmittelbedingte Ereignisse. Durch Partnerschaften auf der regionalen bis zur globalen Ebene, durch harmonisierte Datenelemente und durch die Entwicklung zugänglicher, interoperabler Softwaresysteme zur Rückverfolgbarkeit innerhalb der Lieferkette können Behörden weltweit potenziell kontaminierte Lebensmittel besser identifizieren, Krisen schneller lösen sowie Transparenz und das Vertrauen der Verbraucher stärken. Ganz konkret hat das Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) im Rahmen eines von der Europäischen Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) finanzierten Projekts die offene, webbasierte Softwareplattform FoodChain-Lab Web (FCL Web) entwickelt, um große Mengen an Rückverfolgungsdaten von Lebensmitteln zu visualisieren und zu analysieren. FCL Web unterstützt Ausbruchsuntersuchungen, indem potentielle Quellen kontaminierter Produkte innerhalb der Lieferketten identifiziert werden. Gemeinsam mit der EFSA wird in einem Folgeprojekt ein Ökosystem für die Sammlung und Analyse von Rückverfolgungsdaten entwickelt, welches auf einem universellen Format für den Austausch von Rückverfolgungsdaten basiert – dem „Universal Traceability data eXchange (UTX) format“. Das UTX-Format soll Synergien zwischen europäischen Rückverfolgungsinitiativen schaffen sowie Daten aus Rückverfolgungssoftware europäischer Mitgliedstaaten zusammenführen und diese interoperabel machen, um in Krisenzeiten Doppelarbeit zu vermeiden. Dies eröffnet auch die Möglichkeit für globale Partnerschaften. Die U.S. Food and Drug Administration (FDA) und das BfR kooperieren beispielsweise beim Aufbau webbasierter Systeme zur Verbesserung der digitalen Rückverfolgbarkeit von Lebensmitteln über harmonisierte Datenelemente. Auf regionaler Ebene gibt es mit Nordrhein-Westfalen eine Partnerschaft, die interoperable Softwarelösungen nutzt, um die Erfassung und Analyse von Rückverfolgungsdaten und das Management lebensmittelbedingter Ereignisse zu digitalisieren und zu optimieren. Letztendlich soll die Bündelung von regionaler, nationaler und globaler Expertise über interoperable Rückverfolgungssoftwaresysteme die Qualität, Aktualität und Vollständigkeit von Rückverfolgungsdaten verbessern, um somit komplexe lebensmittelbedingte Krisen effizienter zu bewältigen.

2.6 Rotaviren in Wildschweinen und Wildwiederkäuern in Brandenburg, 2019–2021

Dr. Eva Trojnar, Dr. Nadine Althof, Prof. Dr. Reimar Johne

Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit

Rotaviren stellen eine wichtige Ursache für Durchfallerkrankungen bei Menschen und Tieren dar, wobei insbesondere Kleinkinder und Jungtiere betroffen sind. Die Infektion erfolgt hauptsächlich fäkal-oral, die Viren können auch durch Schmierinfektionen, kontaminiertes Wasser und Lebensmittel übertragen werden. Die humanen Rotaviren und die der Nutztiere gelten als relativ gut erforscht. Bei Wildtieren sind diese hingegen nur sehr wenig untersucht. Innerhalb der am meisten verbreiteten Gruppe A Rotaviren (RVA) wird eine zusätzliche Einteilung der Viren anhand der beiden Oberflächenproteine VP7 und VP4 in verschiedene [G] (Glycoprotein)- und [P] (Protease-sensitives Protein)-Typen vorgenommen. Aktuell werden 42 [G]- und 58 [P]-Typen definiert, wobei spezifische G/P-Kombinationen für verschiedene Wirtsarten jeweils charakteristisch sind. Aufgrund der möglichen zoonotischen Übertragungen von Rotaviren zwischen verschiedenen Wirten ist auch der Austausch von Genomsegmenten zwischen tierischen und menschlichen RVA-Stämmen durch Reassortment möglich, was zu neuen G/P-Kombinationen mit potenziell neuen Viruseigenschaften führen kann.

Für die vorliegende Studie wurden zwischen 2019 und 2022 erlegte Wildschweine und Wildwiederkäuer aus verschiedenen Jagdgebieten rund um Berlin (Brandenburg) auf das Vorhandensein von RVA untersucht. Dabei wurde nur bei 1 % (2/197) der Wildschweine (*Sus scrofa*), bei 1,3 % (2/152) des Rehwildes (*Capreolus capreolus*) und bei 2,1 % (2/95) des Damwildes (*Dama dama*) RVA-RNA im Kot mittels virus-spezifischer real-time RT-PCR nachgewiesen. Bei Rotwild (28 Tiere) wurde keine RVA-RNA gefunden. Eine anschließende Genotypisierung der positiven Proben identifizierte bei den zwei RVA-positiven Wildschweinen G3P[13]-Stämme mit naher Verwandtschaft zu bereits beschriebenen Haus- und Wildschwein-Stämmen. Das untersuchte Rehwild wies dagegen G10P[15]-Stämme auf, welche nahe mit bekannten RVA-Stämmen aus Rehwild, Schafen und Rindern verwandt sind. Die aus RVA-positiven Damwild-Proben isolierten Stämme konnten dem Genotyp G3P[3] zugeordnet werden und clusterten in einer Gruppe von Stämmen aus sehr unterschiedlichsten Wirten.

Die erzielten Ergebnisse deuten eine bereits erwartete niedrige Prävalenz von RVA in Wildschweinen und Wildwiederkäuern in Deutschland an, wobei spezifische RVA-Genotypen nur mit bestimmten Wiederkäuerarten assoziiert zu sein scheinen.

2.7 VBNC-*Campylobacter* in der Umwelt: Erkenntnisse aus Praxis und experimentellen Studien

Benjamin Reichelt¹, Dr. Kerstin Stingl², Dr. Vanessa Szott^{1,3}, Prof. Dr. Uwe Rösler¹,
Dr. Anika Friese¹

¹ Freie Universität Berlin, Institut für Tier- und Umwelthygiene, Tiermedizinisches Zentrum für Resistenzforschung & Zentrum für Infektionsmedizin

² Bundesinstitut für Risikobewertung, Nationales Referenzlabor für *Campylobacter*

³ Freie Universität Berlin, Institut für Lebensmittelsicherheit und -hygiene, Zentrum für Veterinary Public Health

Campylobacter-Infektionen beim Menschen sind in der EU die am häufigsten gemeldeten Magen-Darm-Erkrankungen. Neben dieser Erkrankungsform, welche klinisch mit wässrigem bis blutigem Durchfall einhergeht, können in einigen Fällen auch schwerwiegende Komplikationen wie Gelenkentzündungen oder das Guillain- Barré-Syndrom auftreten. Insbesondere Hühnerfleisch ist die bedeutendste Infektionsquelle für *Campylobacteriosen* beim Menschen. Die Tiere selbst sind dabei in der Regel gesund.

Obwohl in Masthuhn-Betrieben umfangreiche Studien durchgeführt wurden, können die genauen Wege, wie *Campylobacter* trotz vorbeugender Maßnahmen neue Herden besiedeln, oft nicht eindeutig beschrieben werden. Einige Studien haben wichtige Einblicke in die epidemiologische Situation mittels Kultivierung des Pathogens und Nachweis von *Campylobacter*-DNA ermöglicht. Dabei wird die Stallumgebung oft als ein Reservoir für *Campylobacter* in den Masthuhn-Betrieben genannt. Verschiedene Studien lassen jedoch darauf schließen, dass die Kultivierung von *Campylobacter* in der Umgebung von Masthuhn-Betrieben nach wie vor eine Herausforderung darstellt. Dies könnte auf eine begrenzte Persistenz von *Campylobacter* unter verschiedenen Umweltbedingungen zurückzuführen sein. Immer wieder wird diskutiert, dass die Exposition gegenüber Umweltstressoren wie oxidativem Stress, Entzug von Nährstoffen, osmotischem Stress, Temperatur, pH-Wert und UV-Licht, einen Übergang in einen lebensfähigen, aber nicht kultivierbaren (viable but non culturable - VBNC) Zustand induzieren kann.

In dieser Studie untersuchten wir das Vorkommen von kultivierbaren *Campylobacter* und VBNC-*Campylobacter* in Praxis in drei Masthuhn-Betrieben und deren Umgebung. Dazu wurden Proben der Umwelt (Wasser, Tupferproben von Equipment, Luftproben, Sockentupfer) gesammelt. Zusätzlich wurde in einem experimentellen Ansatz das Entstehen und die Persistenz von VBNC-*Campylobacter* in der Hühnermistmatte, im Boden und in Wasser analysiert.

Zur VBNC-Detektion nutzen wir die Methode einer Propidium-Monoazid (PMA)-Farbstoff-basierten „viability“ qPCR (v-qPCR) in Kombination mit Kultivierung einschließlich einer Anreicherungs-methode.

Bei drei von sieben Probenahmezeitpunkten waren die untersuchten Herden *Campylobacter*-negativ sowie auch alle Proben der Umwelt. Bei vier Probenahmen wurden VBNC-*Campylobacter* außerhalb der Ställe gefunden, wobei hier zeitgleich auch die Herden *Campylobacter*-positiv waren. Diese Ergebnisse werden folgend berücksichtigt. Die Detektion in Umweltproben, hier vor allem Sockentupfern, betrug 14 % (12/86) für VBNC-*Campylobacter* nach v-qPCR, in

einer Wasserprobe der Umgebung (1,2 %) war der Erreger kultivierbar. Interessant war, dass in allen 28 Luftproben der Umgebung *Campylobacter*-DNA nachweisbar war.

Im experimentellen Ansatz, nach Ausstallen einer *Campylobacter*-positiven Masthuhngruppe im Versuchstierstall, wurden nach 24 Stunden keine kultivierbaren *Campylobacter (C.) jejuni* im Hühnermist nachgewiesen. Hingegen war die Detektion von VBNC-*Campylobacter* auch nach 72 Stunden (letzter Probenahmezeitpunkt) noch möglich.

Laborstudien mit Boden- und Wasserproben, welche mit kultivierbaren *C. jejuni* künstlich kontaminiert wurden, zeigten, dass nach drei bis 14 bzw. 15 Tagen (abhängig von Temperatur und Luftfeuchte), VBNC-*Campylobacter* induziert wurden. Diese ließen sich auch bis zum letzten Probenahmezeitpunkt, 28 Tage im Boden und 63 Tage im Wasser, noch nachweisen.

Versetzten wir Boden- oder Wasserproben direkt mit vorher hergestellten VBNC-*Campylobacter*, blieben diese insbesondere bei 4 °C lange nachweisbar, mit 25 Tagen im Boden und 109 Tagen im Wasser. Beides waren auch hier die letzten Probenahmezeitpunkte.

Diese kontrollierten experimentellen Untersuchungen können höchstwahrscheinlich nicht die Persistenz von VBNC-*Campylobacter* in der Natur nachahmen, da die Einwirkung von Umweltfaktoren komplexer ist. Sie liefern jedoch einige wichtige Einblicke zur Thematik. So ist das Potential zum längeren Überdauern von noch potentiell infektiösen *Campylobacter* gegeben. Vor allem die Isolierung von VBNC-*Campylobacter* aus Umweltproben bleibt methodisch herausfordernd. Weiterhin ist zu beachten, dass auch andere Faktoren wie stammspezifische Unterschiede die Persistenz von VBNC-*Campylobacter* beeinflussen können. Obwohl unter bestimmten Bedingungen in anderen Studien ein „Aufwecken“ der VBNC zum kultivierbaren Zustand innerhalb eines distinkten Zeitfensters möglich war, bestätigt die Methode der PMA v-qPCR ausschließlich die Integrität der Zellmembran und liefert keine Daten zur Stoffwechselaktivität, Pathogenität oder Infektiosität. Hierfür sind weiterführende Studien von besonderem Interesse.

Veröffentlichungen zur Studie und weiterführend:

Reichelt B, Szott V, Epping L, Semmler T, Merle R, Roesler U, Friese A. Transmission pathways of campylobacter spp. at broiler farms and their environment in Brandenburg, Germany. *Front Microbiol.* 2022 Oct 6;13:982693.

Reichelt B, Szott V, Stingl K, Roesler U, Friese A. Detection of Viable but Non-Culturable (VBNC)-*Campylobacter* in the Environment of Broiler Farms: Innovative Insights Delivered by Propidium Monoazide (PMA)-v-qPCR Analysis. *Microorganisms* 2023, 11(10), 2492.

Förderung:

Bundesministerium für Bildung und Forschung, „PAC-Campy“ (IP1/01KI1725A)

2.8 *Cronobacter* and its adaptation to the low-moisture PIF production environment

Prof. Dr. Guerrino Macori

University College Dublin, Ireland

Members of the *Cronobacter* genus stand out as formidable food-borne pathogens. Their reputation is primarily forged from causing severe infant infections with mortality rates oscillating between 40 to 80 %. Such alarming fatality rates, combined with its frequent isolation from a myriad of food types, most notably powdered infant formula (PIF), spotlight the critical menace this organism presents.

Cronobacter species, previously known as *Enterobacter sakazakii*, are opportunistic and consist of multiple strains. Their impact is especially profound on neonates with immature immune systems, leading to severe conditions such as meningitis and necrotising enterocolitis after the intake of contaminated PIF. Source tracking of *Cronobacter* and analysing high-frequency species from varied origins can guide more precise control measures. A key characteristic aiding its tenacity during food processing and storage is its robust resistance to environmental stresses, including but not limited to extremes of heat, pH, and desiccation. Numerous factors bolster *Cronobacter* survival in stringent environments. These encompass specific genes, regulatory mechanisms, and the formation of biofilms.

Delving into the genomics of this bacterium, our studies has centred on the molecular intricacies, serotyping distinctions, and phenotypical manifestations of various strains in PIF environments. Using techniques ranging from RNA sequencing to reverse transcription PCR (RT-PCR), we have probed into the gene blueprints underlying its resilience, especially its desiccation survival strategies.

Historically, the lens of microbiological food safety has focused on culture-based methodologies, with the objective of detecting, characterising, and identifying target foodborne pathogens. However, bacterial pathogens were primarily examined at the species level, neglecting the wider microbiological environment from which they were extracted. The technological renaissance brought about by high-throughput DNA sequencing in the early 2000s unveiled refined sub-typing protocols. These tools not only facilitate the tracking of foodborne pathogens throughout the food chain but also offer insights into the associated microbial ecosystems they originate from. This transformative approach to foodborne disease surveillance and health risk assessment ushers in the age of precision food safety.

These approaches are presented for describing the environmental stress responses features exhibited by *Cronobacter* species, particularly illuminating their ramifications in the food processing sector, amalgamating the traditional and the cutting-edge, highlighting the significance of understanding adaptive tactics of *Cronobacter*, the essence of contemporary food safety measures, and the ushering of an era that champions precision in safeguarding the PIF industry and broader food sectors.

2.9 Insekten als Nahrungsmittel

Dr. Nils Th. Grabowski

Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

Obwohl Speiseinsekten als traditionelle Lebensmittel seit jeher vom Menschen genutzt werden, wurden sie im westlichen Kulturkreis erst seit Beginn des neuen Jahrtausends im Rahmen der Bestrebungen der FAO zur Bekämpfung des Welthungers „wiederentdeckt“. Einige der mehr als 2000 als essbar bekannten Insektenarten lassen sich relativ gut in großen Populationen halten. Gerade omnivore Arten sind gute Kandidaten für nachhaltige Haltungen. Je nach Taxon, Instar und Haltung (bzw. Fütterung) sind sie reich an Eiweißen, Fetten, Mineralien und Vitaminen. Der Hauptgrund, Insekten traditionell zu konsumieren, ist allerdings der Geschmack; Je nach Spezies lassen sich Insekten sehr vielfältig zubereiten, sowohl als Hauptzutat als auch als Zutat eines anderen Gerichtes.

Im westlichen Kulturkreis stellt die wenig ausgeprägte Verbraucherakzeptanz einen wichtigen Grund für einen relativ kleinen Speiseinsektensektor dar. Ekel, Vorurteile und mangelndes Vertrauen in die gesamte Wertschöpfungskette, von der Primärproduktion bis zur behördlichen Überwachung spielen bei vielen Verbrauchern einerseits eine gewichtige Rolle. Andererseits hat sich gezeigt, dass die Kombination von Information und der Möglichkeit der Verköstigung ein probates Mittel ist, um Vorurteile abzubauen und Verbraucherakzeptanz zu steigern.

Wurden bis 2015 regulatorische Aspekte der Nutzinsekten im allgemeinen und Speiseinsekten im speziellen, wenn überhaupt, nur in nationalen Handreichungen mit Empfehlungscharakter thematisiert, erfolgte 2015 mit einer Risikobewertung der erste Schritt der EFSA hin zu einem geregelten Markt¹. Im selben Jahr wurde eine Neufassung der Verordnung für neuartige Lebensmittel (VO [EU] 2015/2283) verabschiedet, die Speiseinsekten und Erzeugnisse daraus eindeutig als neuartige Lebensmittel definiert, für die dieselben Verfahren der Zulassung wie für andere neuartige Lebensmittel gelten. Bislang (Stand: September 2023) sind Anträge auf Zulassung von Erzeugnissen aus vier Insektenarten positiv beschieden worden: Larven des Mehlkäfers (*Tenebrio molitor*, Mehlwürmer), des Glänzendschwarzen Getreideschimmelkäfers (*Alphitobius diaperinus*, „Buffalowürmer“) sowie Nymphen und Imagines der europ. Wanderheuschrecke (*Locusta migratoria*) und des Heimchens (*Acheta domestica*). Diese Erzeugnisse wurden per Novellierungen der VO (EU) 2015/2283 in den *Novel Food Catalogue* aufgenommen. Auf diese Weise werden Speiseinsekten in die amtliche Lebensmittelüberwachung integriert.

Die Überwachung des Speiseinsektensektors erfolgt demnach zunächst unter Berücksichtigung des EU- und nationalen Regelwerkes. Aus der Perspektive der EU sind Speiseinsekten *per definitionem* Nutztiere, weshalb sie im Bereich der Primärproduktion denselben Vorgaben wie andere, verteilte Nutztiere unterliegen. Das gilt u. a. auch für die Fütterung². Allerdings

¹ 2017 wurden insgesamt sieben Nutzinsektenarten als Futtermittel für (zunächst nur) die Aquakultur zugelassen (VO [E] 2017/893); Später erfolgte die Erweiterung des Nutzungsspektrums auf die Ernährung von Schweinen und Geflügel.

² Dabei ist zu bedenken, dass das gegenwärtige Futtermittelrecht auf die Risiken zugeschnitten ist, die die Verfütterung von bestimmten Futtermitteln an diese konventionellen Nutztiere mit sich bringen können, z. B. Übertragung von Tierseuchen oder Zoonosen oder Übertrag von Rückständen und Kontaminanten. Insekten beschreiten jedoch mitunter andere metabolische Wege, so dass das für konventionelle Nutztiere (aus gutem Grunde) existierende Verbot zur Verfütterung möglicherweise für Insekten nicht sachlich zu begründen ist. Dennoch steht der Verbraucherschutz an erster Stelle, und zukünftige Forschung wird zeigen, ob und inwiefern man die Futtermittelgesetzgebung an die spezifischen Potentiale der Insektenhaltung für die Nutzung von landwirtschaftlichen Nebenströmen anpassen kann.

gibt es darüber hinaus keine spezifischen Handreichungen für Nutzinsekten. Eine eingehende Überprüfung eines Nutzinsektenbetriebes ist demnach gegenwärtig nur aufgrund von eigener Sachkenntnis möglich. Dabei muss man sich stets vor Augen halten, dass die Nutzinsektenarten keineswegs mit einem einzigen Standard zu messen sind. Dafür ist es von Vorteil, sich in der Taxonomie der Insekten grundlegend auszukennen. Taxonomisch gesehen unterscheiden sich Heimchen und Heuschrecken so sehr von Mehlkäfern oder Soldatenfliegen wie – auf Säugetiere extrapoliert – Kängurus von Tigern. Heimchen und Heuschrecken sowie Mehl- und Buffalowürmer gehören in jeweils eine Familie, sind also untereinander so verwandt wie Rinder, Schafe und Ziegen miteinander. Dieser taxonomische Effekt ist von zentraler Bedeutung, da von ihm die Haltung, Fütterung, chemische und mikrobiologische Beschaffenheit abhängt.

Während nur die ersten Paragraphen des Tierschutzgesetzes sich auf alle Tiere beziehen, gelten die sog. fünf Freiheiten des britischen *Farm Animal Welfare Committee* für alle Tiere. Viele, aber nicht alle davon, sind bis zu einem gewissen Grade auf Insekten übertragbar, aber auch hier spielt die Spezies eine tragende Rolle. So ist im Zusammenhang mit dem Tierwohl u. a. zu beachten, spezies eigene Standards zugrunde zu legen, z. B. dass es sich bei Kannibalismus, der bei konventionellen Nutztieren ein ethologisches Problem darstellt, bei vielen Insektenarten um ein natürliches, umfangreich in der Natur dokumentiertes Verhalten handelt. Bei der Tötung der Tiere zur Ernte sind gegenwärtig noch verschiedene Methoden erlaubt, auch wenn das Einfrieren wahrscheinlich die am ehesten dem Tierwohl entsprechende Methode ist.

Die Überwachung von Insektenerzeugnissen basiert einerseits auf dem allgemeinen Lebensmittelrecht und den Novellierungen der einzelnen Erzeugnisse andererseits, wie sie im *Novel Food Catalogue* spezifiziert werden. Dabei kommt der Nämlichkeitskontrolle eine große Rolle zu, nicht nur bei der Nämlichkeit der verwendeten Spezies (cave ähnlich aussehende, aber nicht zugelassene Arten, Möglichkeit der Täuschung bei homogenisierten Insekten), sondern auch hinsichtlich der tatsächlichen Zulassung. Bislang erfolgte die Zulassung der einzelnen Insektenerzeugnisse stets nur auf Anträge der Industrie, und diese Anträge beinhalten genau definierte Kombinationen aus Insektenspezies x Be- und Verarbeitungsart x Zielprodukt x prozentualer Insektenanteil, z. B. Heimchen, zu Mehl verarbeitet, als Zutat für Pasta mit einem Anteil von 5 %. Hinzu kommt, dass diese Zulassungen für die ersten fünf Jahre nur für die Firmen (oder ihre Beauftragten) gelten, die die Zulassung beantragt hat (sog. Datenschutz nach VO [EU] 2015/2283).

Ist die Nämlichkeit bestätigt und das insektenhaltige Lebensmittel tatsächlich zugelassen, enthalten die Spezifikationen, die aus der Novellierung in den *Novel Food Catalogue* eingeflossen sind, alle weiteren Hinweise zur chemischen und mikrobiellen Analytik sowie zur Etikettierung. Diese Spezifikationen variieren je nach Antrag, Produkt etc. Hinsichtlich der Etikettierung gilt allerdings für alle Erzeugnisse, dass die Insektenart (umgangssprachlich und wissenschaftlich) auf der Zutatenliste aufgeführt werden muss – ähnlich wie bei Meeresfrüchten – und dass der Allergiehinweis in unmittelbarer Nähe anzubringen ist.

2.10 Bovine Meat and Milk Factors (BMMFs): was steckt dahinter?

Dr. Stephen F. Marino

Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit

Zusammenfassung

Das deutsche Krebsforschungszentrum (DKFZ) behauptet, dass alle Verbraucher, die Rinderprodukte verzehren, mit hoher Wahrscheinlichkeit mit krebserzeugenden Erregern namens „Bovine Meat and Milk Factors“ (BMMF) „infiziert“ sind. Konkrete Beweise für die Existenz und die Auswirkungen dieser angeblich *Bos-taurus*-spezifischen Krankheitserreger wurden bisher jedoch nicht vorgelegt. Die dies bezüglichen Behauptungen des DKFZ werden vor dem Hintergrund der verfügbaren Daten überprüft und kritisch hinterfragt, um den Wahrheitsgehalt der „BMMF-Hypothese“ zu klären.

Abstract

Nach einer in 2012 veröffentlichten Hypothese von DKFZ Krebsforscher Harald zur Hausen [1], sind bislang unentdeckte, virusartige Erreger in Rinderprodukten an der Entstehung von Krebs, vor allem Darmkrebs, beteiligt. Das DKFZ behauptet, dass der Verzehr von Rindfleisch bzw. Milchprodukten zu einer „Infektion“ mit diesen Erregern führt, die „Bovine Meat and Milk Factors“ (BMMFs) genannt werden und „eine chronisch-entzündliche Reaktion, die im umgebenden Gewebe die Krebsentstehung fördern (können). Zum Ausbruch der Krankheit kommt es Jahrzehnte nach der Infektion!“ [2]. Erwachsene, die sich mit Rinderprodukte ernähren, sind „vermutlich bereits alle mit BMMFs infiziert“ [2], die praktisch ausschließlich bei europäischen Rindern (*Bos taurus*) vorkommen [1]. Das DKFZ rät davon ab, Säuglinge zu früh mit Kuhmilch zu ernähren, um eine „Infektion“ mit BMMFs zu verhindern. Die DKFZ-Arbeitsgruppe behauptet darüber hinaus, diese „neue Klasse von Erregern“ entdeckt zu haben [2]. Es handelt sich dabei um kleine, zirkuläre, einzelsträngige DNA Moleküle, deren offensichtlichstes Merkmal das Vorhandensein eines Gens ist, das für ein Plasmid-Replikationsprotein (Rep) kodiert. Tatsächlich weisen die meisten dieser BMMF-DNAs eine sehr hohe (bis zu 98 %ige) Sequenzähnlichkeit mit sogenannten Sphinx-DNAs auf, über deren Auftreten bereits 2010 in Gehirnmateriale von mit Scrapie und Kreuzfeldt-Jakob-Krankheit infizierten Nagetieren berichtet wurde [3]. Diese DNAs werden von der DKFZ-Gruppe nahezu ausschließlich in Zusammenhang mit Rinderprodukten erwähnt, obwohl andere Forschungsgruppen sie in allen bisher untersuchten Lebensmittelgruppen, auch in Nicht-Rinder-Milchprodukten, nachgewiesen haben [4-6]. Obwohl in mehreren Veröffentlichungen der DKFZ-Gruppe wiederholt behauptet wird, dass diese DNAs „Erreger“ und „infektiös“ sind, und krebserregende „chronisch-entzündliche Reaktionen“ hervorrufen, wurden bis heute keine definitiven Belege für diese Behauptungen vorgelegt. Die Gruppe behauptet zudem, BMMF DNA und das Rep-Protein in menschlichen Darmtumorgeweben nachgewiesen zu haben, obwohl eine Studie von 2019 [7] gezeigt hat, dass das BMMF-Rep Protein in Darmgewebe und Makrophagen von gesunden Säugtieren und in anderen Geweben von gesunden Menschen, ebenfalls nachweisbar ist. Diese Studie wird von der DKFZ-Gruppe in ihren Veröffentlichungen bisher nicht berücksichtigt. Obwohl nicht kategorisch ausgeschlossen werden kann, dass ein unbekannter Erreger in Rindfleischprodukten an der Entstehung von Krebs beteiligt sein könnte, gibt es bisher keine öffentlich zugänglichen Daten, die irgendwelche Behauptungen über die in BMMF umbenannten Moleküle belegen.

Literatur

- 1) zur Hausen, H. (2012) *Int. J. Cancer*: 130, 2475–2483
- 2) https://www.dkfz.de/de/presse/download/Hintergrund-PK-Plasmidome_final.pdf
- 3) Manuelidis, L. (2010) *J Neurovirol* 10.1007/s13365-010-0007-0
- 4) König, M. et al. (2021) *Viruses* 13: 1088
- 5) König, M. et al. (2021) *Viruses* 13: 2176
- 6) Pohl, S. et al. (2022) *Food Control* 135:108779
- 7) Manuelidis, L. (2019) *J Cell Biochem.* 120:6198

2.11 Thermische Verfahren in der Broilerschlachtung und deren Wirkung auf *Campylobacter* bzw. Salmonellen

Anja Beterams¹, Alina Kirse², Prof. Dr. Lothar Kreienbrock², Dr. Niels Bandick¹, PD Dr. Felix Reich¹

¹ Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Risikokommunikation

² Tierärztliche Hochschule Hannover, Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung

Unter den bakteriellen durch Lebensmittel übertragenen Infektionserregern haben *Campylobacter* und Salmonellen die größte Bedeutung. Insbesondere die humanen Campylobacteriose-Fälle stehen nach Einschätzung der Europäischen Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) zu einem erheblichen Anteil mit dem Verzehr von belastetem Broilerfleisch im Zusammenhang (EFSA, 2011). Nach einer Stellungnahme der EFSA könnten die Verbraucherexposition und damit die zu erwartenden Campylobacteriose-Erkrankungen signifikant gesenkt werden, wenn die quantitative Belastung des Fleisches mit dem Erreger weiter reduziert würde (EFSA, 2011).

In der gewerblichen Broilerfleischgewinnung wird die mikrobiologische Produktqualität über die optimale Einstellung der Verarbeitungsmaschinen sowie Spül- und Wascheinrichtungen bestimmt. Die Verringerung mikrobiologischer Belastungen des Fleisches ist entsprechend dem geltenden EU-Lebensmittelrecht durch hygienische Verarbeitungsprozesse zu erreichen. Chemische oder biologische Dekontaminationsverfahren zur Anwendung auf Broilerfleisch haben derzeit keine Zulassung in der EU.

Im Rahmen des durch das BMEL geförderten Verbundprojektes „KontRed“ werden Verfahren zur Verringerung der mikrobiologischen Belastung von Broilerfleisch untersucht. Die Reduzierung der Belastung des Fleisches mit *Campylobacter* und Salmonellen ist dabei von besonderem Interesse. In einem Teilprojekt wurde das keimreduzierende Potential von Heißwasser und Kaltluft auf die genannten Erreger untersucht.

Eine Heißwasserbehandlung von Broilerschlachtkörpern wird routinemäßig als Brühprozess zur Lockerung der Federn eingesetzt. Dabei hat dieser Verarbeitungsschritt auch eine keimreduzierende Wirkung. In den folgenden Verarbeitungsschritten kommt es allerdings regelmäßig zur Rekontamination der Schlachtkörper und zu einem Anstieg der Keimbelastung. Eine direkte Verringerung der frischen Kontamination wäre deshalb wünschenswert. Dafür wurde in diesem Projekt eine Heißwasserbehandlung im Modellversuch nach einer simulierten Rekontamination der Schlachtkörper mit *Campylobacter* und Salmonellen untersucht. Beimpfte Broilerschlachtkörper wurden in einem Tauchbad für 20 oder 30 Sekunden bei Wassertemperaturen von 20, 70, 75 oder 80 °C behandelt. Vor und nach der Behandlung wurden Schlachtkörper-Spülproben auf die Belastung mit *Campylobacter*, Salmonellen, *Escherichia coli* und die Gesamtkeimzahl untersucht. Im Mittel wurden für *Campylobacter* und Salmonellen Keimzahlreduktionen um etwa ein Log₁₀ KbE/ml durch die Heißwasseranwendung erreicht. Eine Behandlung im Wasserbad bei 20 °C zeigte hingegen keinen Effekt.

Kalte Luft wird im regulären Schlachtprozess zum Abschluss zur Kühlung des Fleisches eingesetzt, um das noch warme Fleisch innerhalb von 2-3 Stunden auf Temperaturen zwischen -2 und +4 °C abzukühlen und so die Haltbarkeit zu gewährleisten. In dieser Studie wurde eine

zusätzliche Kaltluftbehandlung während der Vorkühlung auf natürlich mit *Campylobacter* belasteten Broilerschlachtkörpern angewendet. Das Freshline® SafeChill™-System (Air Products) lenkt sehr kalte Luft über den Schlachtkörper, um so *Campylobacter*-Zellen zu inaktivieren. In diesen Untersuchungen wurden Behandlungen für 20, 30 oder 40 Sekunden mit Temperaturen von -80 oder -90 °C untersucht. Durch diese Behandlung wurde im Mittel eine Verringerung der *Campylobacter*-Belastung um 0,5 Log₁₀ KbE auf natürlich belasteten Schlachtkörpern erreicht.

Die Untersuchungen zeigten, dass thermische Verfahren als Ergänzung zu Prozessen im bestehenden Schlachtprozess zu einer weiteren Verringerung der mikrobiologischen Belastung von Broilerfleisch mit pathogenen Bakterien beitragen können.

Referenz:

EFSA (2011). EFSA Panel on Biological Hazards (BIOHAZ); Scientific Opinion on *Campylobacter* in broiler meat production: control options and performance objectives and/or targets at different stages of the food chain. EFSA Journal 2011;9(4):2105. [141 pp.]. doi:10.2903/j.efsa.2011.2105.

Die Förderung des Vorhabens erfolgt aus Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) aufgrund eines Beschlusses des deutschen Bundestages. Die Projektträgerschaft erfolgt über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE) im Rahmen des Programms zur Innovationsförderung.

Das Projekt wird unterstützt durch Air Products.

2.12 Hygienisierung von Prozesswässern im Geflügelschlachtprozess mittels organischen Säuren und Sauerstoffabspaltern

Gesa Carstens¹, Sebastian Egner², Dr. Beate Hambsch², Dr. Anika Friese¹, Prof. Dr. Uwe Rösler¹

¹ Freie Universität Berlin, Institut für Tier- und Umwelthygiene, Tiermedizinisches Zentrum für Resistenzforschung & Zentrum für Infektionsmedizin

² TZW: DVGW-Technologiezentrum Wasser, Karlsruhe

Einleitung

Maßnahmen zum Schutz der Verbraucher*innen vor lebensmittelbedingten Erkrankungen werden während der gesamten Produktionskette für Masthühner getroffen. Dabei besteht besonders entlang des Schlachtprozesses ein Risiko der Kreuzkontamination mit Zoonoseerregern durch Prozesswasser oder auf Oberflächen (Hazards 2011, Zeng, De Reu et al. 2021). Im Rahmen des aktuellen Verbundforschungsprojektes „KontRed“ sollen die bestehenden Verfahren zur Hygienisierung in der Geflügelschlachtung optimiert sowie durch weitere Ansätze ergänzt werden. Der Fokus liegt in diesem Teilprojekt auf dem möglichen Einsatz von chemischen und physikalischen Desinfektionsmaßnahmen zur Dekontamination von Prozesswasser, insbesondere Brühwasser, sowie der Karkassen selbst.

Material und Methoden

Die Wirksamkeit von organischen Säuren (Ameisensäure, Milchsäure), Sauerstoffabspaltern (Peressigsäure, Wasserstoffperoxid, Ozon) sowie die Wirksamkeit einer UV-C-Behandlung zur Hygienisierung des Brühwassers wurde anhand von Suspensionsversuchen nach DIN EN 1276 mit lebensmittelrelevanten Erregern erprobt. Als Modellwasser kam Wasser mit verschiedenen organischen Zusätzen zum Einsatz.

Zusätzlich wurde die Wirksamkeit von organischen Säuren und Sauerstoffabspaltern auf den Oberflächen der Karkassen mittels Keimträgerversuchen in Anlehnung an DIN EN 13697 unter Verwendung von Hühnerhaut als Versuchsmatrix getestet.

Die Prüfparameter wurden dabei an die üblichen Brüh- bzw. Kühlprozesse im Geflügelschlachthof angepasst.

Ergebnisse

Die getesteten organischen Säuren zeigten in den Suspensionsversuchen selbst bei hohen organischen Belastungen eine wirksame Desinfektion. Eine Reduktion um 5 log₁₀-Stufen wurde bei einer Konzentration von 2 % bzw. 4,5 % für Ameisen- bzw. Milchsäure erreicht. Die sauerstoffabspaltenden Substanzen Peressigsäure und Wasserstoffperoxid desinfizierten die Modellwasser ebenfalls effektiv bei teils sehr niedrigen Konzentrationen von 0,03 % und 2 %. Beim Einsatz von Ozon gelang es hingegen selbst bei sehr hohen Ozondosen (10–20 mg/L) nicht, eine wirksame Desinfektion zu erreichen. Die Inaktivierung von Brühwasser durch UV-Bestrahlung ließ sich erfolgreich anwenden. Als benötigte Fluenz für eine 5 log₁₀-Inaktivierung ergab sich 220 J/m².

Auf der Hühnerhaut konnte eine Reduktion um 1 log₁₀-Stufe durch 0,1 %ige Peressigsäure erreicht werden. Die getesteten organischen Säuren (Ameisensäure, Milchsäure) erzielten hingegen eine Reduktion von 1 log₁₀-Stufe erst bei hohen Konzentrationen (10–20 %).

Zusammenfassung und Schlussfolgerungen

Die Ergebnisse der Suspensionsversuche zeigen, dass eine Hygienisierung von Prozesswasser durch die getesteten chemischen Desinfektionsmittel mit Ausnahme von Ozon möglich ist. Auch bei organischen Zusätzen, die praxisnah die Bedingungen im Brühwasser widerspiegeln, wurde eine Reduktion um 5 log₁₀-Stufen bei niedrigen Konzentrationen erreicht. Der Einsatz von UV-C stellt eine weitere Möglichkeit der Hygienisierung dar. Die für den Trinkwasserbereich zertifizierten UV-Anlagen müssen eine Mindestbestrahlungsstärke von 400 J/m² aufweisen und könnten daher auch zur Dekontamination von Prozesswässern eingesetzt werden.

Für die Hygienisierung von Hühnerhaut erzielte Peressigsäure die besten Ergebnisse. Eine relevante Keimreduktion konnte hier bei einer sehr niedrigen Konzentration nachgewiesen werden.

Die Auswirkungen der Maßnahmen auf die Sensorik des Produkts sind Gegenstand aktueller Untersuchungen.

Literatur

Hazards, E. P. o. B. (2011). "Scientific Opinion on Campylobacter in broiler meat production: control options and performance objectives and/or targets at different stages of the food chain." EFSA Journal 9(4): 2105.

Zeng, H., K. De Reu, S. Gabriël, W. Mattheus, L. De Zutter and G. Rasschaert (2021). "Salmonella prevalence and persistence in industrialized poultry slaughterhouses." Poult Sci 100(4): 100991.

Förderung

Gefördert durch: Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft

Projekträger: Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung

Fördernummer: 281C104A18

2.13 Containern: Mikrobiologische und sensorische Qualität von aus der Mülltonne entnommenen Lebensmitteln

Julia Hettfleisch^{1,2}, Dr. Ann-Sophie Braun³, Dr. Melanie Hassel¹, Franziska Kumm³, Dr. Christin Freitag¹, Prof. Dr. Corinna Kehrenberg³

¹ Landesuntersuchungsamt Rheinland-Pfalz, Institut für Lebensmittel tierischer Herkunft, Koblenz

² Tierärztliche Grenzkontrollstelle Hessen, Flughafen Frankfurt am Main

³ Justus-Liebig-Universität Gießen, Institut für Tierärztliche Nahrungsmittelkunde

In der Europäischen Union (EU) entstehen, vor allem in privaten Haushalten, im Bereich von Lebensmitteldienstleistungen sowie im Einzelhandel, jährlich etwa 88 Millionen Tonnen Lebensmittelabfälle (BMEL, 2021). Für Deutschland wurden im Jahr 2015 auf Handelsebene rund 0,5 Millionen Tonnen solcher Abfälle ermittelt, wovon gut 80 % vermeidbar gewesen wären (Schmidt et al., 2019). Die EU hat sich den Nachhaltigkeitszielen der Vereinten Nationen verpflichtet und auf nationaler Ebene versucht das Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) mit Bildungsinitiativen wie „Zu gut für die Tonne!“ der Lebensmittelverschwendung entgegenzuwirken. Auch Privatpersonen haben sich der „Rettung“ von Lebensmitteln verschrieben. Beim sogenannten Containern durchkämmen insbesondere junge Erwachsene die Mülltonnen des Lebensmitteleinzelhandels auf der Suche nach noch verzehrbaren Nahrungsmitteln (Noack et al., 2016). Mit diesen meist strafbaren Handlungen wollen sie unter anderem einen Fokus auf die Vergeudung von Lebensmitteln lenken. Dabei tragen die „geretteten“ Produkte nicht nur zur Deckung des persönlichen Bedarfs an Nahrung bei, sondern werden häufig auch noch weiter verteilt (Hoffmeister et al., 2015; Noack et al., 2016). Über die mit dem Verzehr solcher Lebensmittel einhergehenden mikrobiologischen Gefahren und das damit verbundene Risiko für die öffentliche Gesundheit ist bislang nur wenig bekannt.

In einem experimentellen Aufbau, mit dem das Vorgehen des Lebensmitteleinzelhandels nachvollzogen werden sollte, wurden daher unterschiedliche Fleischerzeugnisse, frisches Rind- und Hähnchenfleisch sowie Milch und verschiedene Milcherzeugnisse analysiert. Die Produkte wurden am Ende des jeweiligen Mindesthaltbarkeits- oder Verbrauchsdatums, je nach Produktart für 48 bis 168 Stunden, in Abfalltonnen gelagert und anschließend in Anlehnung an DIN EN ISO Normen sowie Methoden der Amtlichen Sammlung von Untersuchungsverfahren nach § 64 des Lebensmittel-, Bedarfsgegenstände- und Futtermittelgesetzbuchs zu verschiedenen Zeitpunkten mikrobiologisch und sensorisch untersucht. Anhand der Vorgaben der Verordnung (EG) Nr. 2073/2005, der Richt- und Warnwerte der Deutschen Gesellschaft für Hygiene und Mikrobiologie sowie in der Literatur veröffentlichter Daten wurden die Lebensmittel im Hinblick auf die mikrobiologischen Untersuchungsergebnisse schließlich als befriedigend, akzeptabel oder unbefriedigend eingestuft.

Salmonellen, *Listeria monocytogenes* und präsumtive *Bacillus cereus* konnten in keiner der Proben nachgewiesen werden. Bei der Betrachtung von Verderbnis-Parametern wurden jedoch Lebensmittel aus nahezu allen Produktkategorien als unbefriedigend beurteilt. Außerdem wurden Koagulase-positive Staphylokokken und *Clostridium perfringens* aus Rind- und Hähnchenfleisch isoliert und in letztgenannter Produktgruppe darüber hinaus auch *Campylobacter* spp. detektiert. Während bei frischem Fleisch und einigen Milchprodukten schon nach kurzer Lagerung in der Abfalltonne mitunter erhebliche sensorische Abweichungen

festgestellt wurden, erwiesen sich die verarbeiteten Fleischerzeugnisse hinsichtlich ihrer sensorischen und mikrobiologischen Qualität als erstaunlich stabil und waren, abhängig vom mikrobiologischen Ausgangszustand, erst nach längeren Lagerzeiten zu beanstanden.

Diese Ergebnisse deuten darauf hin, dass das Containern durchaus Gefahren für die öffentliche Gesundheit bergen kann, insbesondere da die Anwesenheit und Vermehrung auch pathogener Mikroorganismen unter den unkontrollierten Lagerungsbedingungen „geretteter“ Lebensmittel nicht auszuschließen ist.

Literatur

Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) (2021):

<https://www.zugutfuerdietonne.de/strategie/hintergrund> (15.04.2023).

Hoffmeister F, Marggraf R, Noack EM (2015): Lebensmittelverwertung erwünscht, doch Containern verboten? In: Hambrusch J, Kantelhardt J, Oedl-Wieser T, Stern T (Hrsg.), Jahrbuch der Österreichischen Gesellschaft für Agrarökonomie. Facultas Verlag, Wien, 255–264.

Noack EM, Rovers A-K, Kühling L, Marggraf R (2016): Was Menschen bewegt, Lebensmittel aus dem Müll zu holen: eine explorative Studie zum Containern. German Association of Agricultural Economists, 56th Annual Conference, 28.-30.09.2016, Bonn.

Schmidt TG, Schneider F, Leverenz D, Hafner G (2019): Lebensmittelabfälle in Deutschland - Baseline 2015. Johann-Heinrich-von-Thünen-Institut, Braunschweig.

2.14 Vorkommen von *Clostridioides difficile* in Lebensmitteln

Dr. Anissa D. Scholtzek, Dr. Janine Heise, Dr. Hendrik Frentzel, Dr. Sven Maurischat

Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit

Clostridioides (C.) difficile – früher *Clostridium difficile* – ist ein Gram-positives, obligat anaerobes und sporenbildendes Bakterium. Es kommt überall in der Umwelt und auch im Magen-Darm-Trakt gesunder Menschen und Tiere vor. *C. difficile* ist Verursacher sogenannter *C. difficile*-Infektionen (CDI), die sich in Durchfallerkrankungen unterschiedlichen Grades darstellen und mit lebensbedrohlichen Komplikationen einhergehen können. Sie werden meist durch Schmierinfektionen übertragen und treten vor allem im Zusammenhang mit prädisponierenden Faktoren, z. B. hohes Alter, Aufenthalte in Krankenhäusern oder Pflegeeinrichtungen und Antibiotikaeinnahme, auf [1]. Seit einiger Zeit häufen sich CDI-Fälle ohne Zusammenhang mit prädisponierenden Faktoren. Hier werden Kontakte zu (Nutz-)Tieren und der Verzehr kontaminierter Lebensmittel als Infektionsquelle in Betracht gezogen [2].

Aus diesem Grund hat das BfR in den letzten Jahren in mehreren Projekten verschiedene Lebensmittelgruppen auf das Vorkommen von *C. difficile* untersucht. Der Fokus lag hier vor allem auf pflanzlichen Lebensmitteln, die in Kontakt zum Erdboden wachsen. Konkret wurden Proben von Salat (n = 393), Paprika (n = 8), Kartoffeln (n = 30), Erdbeeren (n = 50), frischen Geflügelfleischprodukten mit und ohne Haut (n = 364) und insektenbasierten Lebensmitteln (n = 73) untersucht. Die Proben stammten aus Supermärkten, Hofläden, Wochenmärkten, Gärten und Selbstpflückangeboten in der Region Berlin-Brandenburg und dem Online-Handel.

Um *C. difficile* aus den Proben zu isolieren, wurden Oberflächentupfer (Kartoffeln, Erdbeeren) oder homogenisierte Teilproben (Salat, Paprika, frisches Geflügelfleisch, insektenbasierte Lebensmittel) entnommen und nach Anreicherung auf ein Selektivmedium ausgestrichen. Typische Kolonien wurden subkultiviert und die Spezies mittels MALDI-TOF bestätigt. Gewonnene Isolate wurden mittels Multiplex-Real-Time-PCR auf die Toxingene für Enterotoxin TcdA (*tcdA*), Zytotoxin TcdB (*tcdB*) und das binäre Toxin CdtA/B (*cdtA*) untersucht. Es wurden Ribotypisierungen sowie Antibiotika-Empfindlichkeitstestungen (Agar-Dilution oder E-Test) durchgeführt. Bei einigen Isolaten wurden außerdem die Gesamtgenome sequenziert.

C. difficile konnte in Tupfer-Proben von Kartoffeln (26,7 %) und Erdbeeren (2 %) sowie aus Proben von frischem Geflügelfleisch (14,8 %, Nachweise gelangen nur in Proben mit Haut) und Salaten (2 %) nachgewiesen werden. Aus den acht Paprikaprobe und 73 insektenbasierten Lebensmitteln konnte kein *C. difficile* isoliert werden. In allen Produktkategorien außer Erdbeeren kamen Toxin-bildende Isolate vor. Ein Großteil der untersuchten Isolate gehörte außerdem zu Ribotypen, die bereits im Zusammenhang mit menschlichen Erkrankungen beschrieben wurden. Vereinzelt wurden multiresistente Isolate identifiziert [3, 4, 5].

Bisher gibt es keinen beschriebenen Fall, in dem eine CDI auf ein bestimmtes kontaminiertes Lebensmittel zurückgeführt wurde. Eine CDI tritt häufig erst im Zusammenhang mit einem gestörten Darmmikrobiom auf. Es ist denkbar, dass potenziell pathogene Isolate den Darm besiedeln und erst bei einer Störung des Darmmikrobioms zur Erkrankung führen. Unsere

Untersuchungen legen nahe, dass Lebensmittel mit potenziell humanpathogenen *C. difficile* kontaminiert sein können. Diese Ergebnisse stimmen mit Studien anderer Arbeitsgruppen überein. Weitere Untersuchungen, vor allem der genetischen Verwandtschaft von Isolaten aus Lebensmitteln und humanen Erkrankungen, können hier zusätzliche Hinweise liefern.

Literatur:

1. Loo VG, Bourgault AM, Poirier L, et al. Host and pathogen factors for *Clostridium difficile* infection and colonization. *N Engl J Med*. 2011;365(18):1693-1703.
doi:10.1056/NEJMoa1012413
2. Mitchell M, Nguyen SV, Macori G, et al. *Clostridioides difficile* as a Potential Pathogen of Importance to One Health: A Review. *Foodborne Pathog Dis*. 2022;19(12):806-816.
doi:10.1089/fpd.2022.0037
3. Heise J, Witt P, Maneck C, Wichmann-Schauer H, Maurischat S. Prevalence and phylogenetic relationship of *Clostridioides difficile* strains in fresh poultry meat samples processed in different cutting plants. *Int J Food Microbiol*. 2021;339:109032.
doi:10.1016/j.ijfoodmicro.2020.109032
4. Scholtzek AD, Heise J, Witt P, Hanuschik AM, Maurischat S. Contamination of home-grown and retail vegetables with *Clostridioides difficile*. *Anaerobe*. 2022;74:102512.
doi:10.1016/j.anaerobe.2021.102512
5. Frentzel H, Kelner-Burgos Y, Fischer J, Heise J, Göhler A, Wichmann-Schauer H. Occurrence of selected bacterial pathogens in insect-based food products and in-depth characterisation of detected *Bacillus cereus* group isolates. *Int J Food Microbiol*. 2022;379:109860. doi:10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109860

2.15 Entwicklung Cluster-spezifischer PCR-Screening-Assays

Dr. Janina Treffon

Universität Münster

Infektionen mit (multiresistenten) bakteriellen Erregern stellen weltweit ein großes Problem dar (1). Vor allem die Ansammlung und Verbreitung dieser Erreger in medizinischen Einrichtungen mit vulnerablen, immunsupprimierten Patienten (z.B. Intensivstationen) lässt Mortalitätsraten drastisch ansteigen und verursacht hohe Kosten für das Gesundheitssystem durch die umfangreichen Therapie- und Hygienemaßnahmen (2, 3). Tritt ein spezifischer Erregerstamm temporär und meist lokal gehäuft auf, spricht man von einem „Ausbruch“ oder „Cluster“. Neben Ausbrüchen mit multiresistenten Erregern wird oft von Ausbrüchen durch zoonotische bakterielle Erreger wie *Salmonella*, *Campylobacter*, *Listeria monocytogenes* oder (Shiga-Toxin-produzierende) *Escherichia coli* berichtet, die durch den Verzehr von kontaminierten Lebensmitteln verursacht werden und tödlich enden können (4). Um im Falle von bakteriellen Ausbrüchen Menschenleben zu schützen und das Gesundheitssystem zu entlasten ist eine schnelle und spezifische Nachverfolgung der Cluster-zugehörigen Isolate essentiell.

Die Überwachung solcher Cluster-Isolate umfasst zwei Schritte: 1.) sensitive Screening-Assays, welche die schnelle Identifizierung bestimmter Bakterienstämme in hunderten Proben ermöglichen und 2.) spezifische Bestätigungstests, welche die Zuordnung der identifizierten Bakterienstämme zu einem bestimmten Cluster erlauben. In klassischen Screening-Assays werden Abstriche von Patienten oder Oberflächen gesammelt und im mikrobiologischen Labor kultiviert. Für die anschließende Zuordnung genetisch identischer oder sehr ähnlicher Bakterien zu einem Cluster können verschiedene Methoden verwendet werden. Immer öfter wird die Ganzgenomsequenzierung (whole genome sequencing, WGS) eingesetzt (5, 6). Diese hochauflösende Methode erlaubt eine sehr genaue Verwandtschaftsbestimmung/Cluster-Zuordnung der Erreger auf Basis von core genome multilocus sequence typing-Daten (7). Nach wie vor ist WGS jedoch sehr teuer, arbeitsintensiv und nur mit tiefgehender Expertise durchführbar, was die Implementierung dieser Methode in die mikrobiologische Routinediagnostik erschwert (8).

Kostengünstigere und zeitsparendere Methoden, die für die Suche nach Cluster-Isolaten eingesetzt werden können, sind PCR-basierte Verfahren. Dazu zählen a) konventionelle PCRs mit anschließender Agarosegelelektrophorese, b) high-resolution melting (HRM) oder melt analysis of mismatch amplification mutation (Melt-MAMA) real-time PCRs, bei denen Amplifikate über DNA-interkalierenden Fluorophore nachgewiesen werden, oder c) TaqMan real-time PCR-Assays, die mit Fluoreszenz-markierten Sonden arbeiten. Mit diesen Assays können entweder ganze Gene oder auch nur Genabschnitte bzw. Einzelbasenaustausche (single nucleotide polymorphisms, SNPs), die ausschließlich in den Cluster-Isolaten vorkommen und nicht in sporadischen (Nicht-Cluster) Erregern zu finden sind, nachgewiesen werden (9–12). Die einzelnen Verfahren bieten Vor- und Nachteile. Konventionelle PCRs sind einfach in der Etablierung, mit ihnen können bakterielle Isolate jedoch nur über die An- oder Abwesenheit oder eine bestimmte Länge der PCR-Amplifikate zu einem Cluster zugeordnet werden (13). HRM real-time PCRs sind etwas spezifischer. Hier erfolgt die Isolatdifferenzierung über Ähnlichkeiten oder Unterschiede im GC-Gehalt eines bestimmten Abschnitts der bakteriellen

DNA (14). Noch detaillierter arbeiten Melt-MAMA oder TaqMan real-time PCR-Assays, die Genomunterschiede zwischen Cluster- und Nicht-Cluster-Isolat von nur einem SNP detektieren können (15, 16).

Diese Cluster-spezifischen PCR-Screening-Assays können innerhalb von ein bis zwei Wochen nach Detektion eines Ausbruchsclusters etabliert werden (11, 12). Für die Etablierung werden WGS-Daten der ersten Ausbruchsisolat sowie verschiedene bioinformatische Software Tools benötigt. Mithilfe von WGS-Daten der Ausbruchsisolat sowie eines WGS-Referenzpanels müssen zunächst Cluster-spezifische genomische Regionen identifiziert werden (Gene, Genabschnitte oder SNPs). Empfehlenswerte Tools hierfür sind SeqSphere⁺ (17) oder RUCS (18). Anschließend erfolgt das Design der Cluster-spezifischen PCR-Primer und gegebenenfalls Sonden. Hierfür können beispielsweise die Tools RUCS, Primer3 (19–21), Primer Express[™] (Thermo Fisher Scientific) oder OligoArchitect[™] Online (Sigma) verwendet werden. Nun kann der Assay für Screenings eingesetzt werden – ausgehend von reiner DNA, die von kultivierten Bakterien isoliert wurde, oder auch direkt mit rudimentär aufgereinigten Patientenproben (9). Werden die Cluster-spezifischen real-time PCR-Assays in eine mikrofluidische Kartusche implementiert, kann das Screening nach Cluster-Isolaten auch automatisiert ablaufen (Manuskript in Bearbeitung).

Durch den Einsatz von Cluster-spezifischen PCR-Assays für das Screening nach Ausbruchsisolaten können hunderte Proben in kurzer Zeit spezifisch analysiert werden. Hierdurch können wirkungsvolle Hygienemaßnahmen wie Isolation oder Desinfektion schnell und kontrolliert umgesetzt und so eine Weiterverbreitung des Ausbruchserregers verhindert werden. Proben, die laut PCR-Assay Cluster-Isolate aufweisen, sollten für eine korrekte epidemiologische Analyse jedoch zusätzlich mit WGS überprüft werden.

Referenzen

1. Antimicrobial Resistance Collaborators. 2022. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. *Lancet* 399:629–55.
2. Brusselaers N, Vogelaers D, Blot S. 2011. The rising problem of antimicrobial resistance in the intensive care unit. *Ann Intensive Care* 1:47.
3. Dik JWH, Dinkelacker AG, Vemer P, Lo-Ten-Foe JR, Lokate M, Sinha B, Friedrich AW, Postma MJ. 2016. Cost-analysis of seven nosocomial outbreaks in an academic hospital. *PLoS One* 11:e0149226.
4. EFSA and ECDC (European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control). 2022. The European Union One Health 2021 Zoonoses Report. *EFSA J* 20:7666.
5. Joensen KG, Scheutz F, Lund O, Hasman H, Kaas RS, Nielsen EM, Aarestrup FM. 2014. Real-time whole-genome sequencing for routine typing, surveillance, and outbreak detection of verotoxigenic *Escherichia coli*. *J Clin Microbiol* 52:1501–10.
6. Mellmann A, Bletz S, Böking T, Kipp F, Becker K, Schultes A, Prior K, Harmsen D. 2016. Real-time genome sequencing of resistant bacteria provides precision infection control in an institutional setting. *J Clin Microbiol* 54:2874–81.
7. Yan S, Jiang Z, Zhang W, Liu Z, Dong X, Li D, Liu Z, Li C, Liu X, Zhu L. 2023. Genomes-based MLST, cgMLST, wgMLST and SNP analysis of *Salmonella Typhimurium* from animals and humans. *Comp Immunol Microbiol Infect Dis* 96:101973.

8. Revez J, Espinosa L, Albiger B, Leitmeyer KC, Struelens MJ, ECDC National Microbiology Focal Points and Experts Group. 2017. Survey on the use of whole-genome sequencing for infectious diseases surveillance: rapid expansion of European national capacities, 2015–2016. *Front Public Heal* 5:347.
9. Zhang W, Bielaszewska M, Bauwens A, Fruth A, Mellmann A, Karch H. 2012. Real-time multiplex PCR for detecting shiga toxin 2-producing *Escherichia coli* O104:H4 in human stools. *J Clin Microbiol* 50:1752–4.
10. Pritchard L, Holden NJ, Bielaszewska M, Karch H, Toth IK. 2012. Alignment-free design of highly discriminatory diagnostic primer sets for *Escherichia coli* O104:H4 outbreak strains. *PLoS One* 7:e34498.
11. Treffon J, Heppner B, Eismann J, Bothe J, Omengo B, Mellmann A. 2022. Single nucleotide polymorphism-based real-time PCR screening assay for rapid tracking of bacterial infection clusters to complement whole-genome sequencing efforts during outbreak investigations. *Microbiol Spectr* 10:e0303622.
12. Treffon J, Prior K, Dreesman J, Egelkamp R, Flieger A, Middendorf-Bauchart B, Projahn M, Richter A, Schuh E, Harmsen D, Mellmann A. 2023. Multicenter preparedness exercise enables rapid development of cluster-specific PCR-based screening assays from bacterial genomic data. *J Clin Microbiol* 61:e01873-22.
13. Mullis K, Faloona F, Scharf S, Saiki R, Horn G, Erlich H. 1986. Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. *Cold Spring Harb Symp Quant Biol* 51 Pt 1:263–73.
14. Tong SYC, Giffard PM. 2012. Microbiological applications of high-resolution melting analysis. *J Clin Microbiol* 50:3418–21.
15. Birdsell DN, Pearson T, Price EP, Hornstra HM, Nera RD, Stone N, Gruendike J, Kaufman EL, Pettus AH, Hurbon AN, Buchhagen JL, Harms NJ, Chanturia G, Gyuranecz M, Wagner DM, Keim PS. 2012. Melt analysis of mismatch amplification mutation assays (Melt-MAMA): a functional study of a cost-effective SNP genotyping assay in bacterial models. *PLoS One* 7:e32866.
16. Hui L, DelMonte T, Ranade K. 2008. Genotyping using the TaqMan assay. *Curr Protoc Hum Genet* Chapter 2:Unit 2.10.
17. Jünemann S, Sedlazeck FJ, Prior K, Albersmeier A, John U, Kalinowski J, Mellmann A, Goesmann A, Von Haeseler A, Stoye J, Harmsen D. 2013. Updating benchtop sequencing performance comparison. *Nat Biotechnol* 31:294–6.
18. Thomsen MCF, Hasman H, Westh H, Kaya H, Lund O. 2017. RUCS: Rapid identification of PCR primers for unique core sequences. *Bioinformatics* 33:3917–21.
19. Koressaar T, Remm M. 2007. Enhancements and modifications of primer design program Primer3. *Bioinformatics* 23:1289–91.
20. Untergasser A, Cutcutache I, Koressaar T, Ye J, Faircloth BC, Remm M, Rozen SG. 2012. Primer3-new capabilities and interfaces. *Nucleic Acids Res* 40:e115.
21. Koressaar T, Lepamets M, Kaplinski L, Raime K, Andreson R, Remm M. 2018. Primer3_masker: integrating masking of template sequence with primer design software. *Bioinformatics* 34:1937–38.

2.16 Einfluss der Probenvorbereitung und Sequenzierung auf die Qualität von *short-read whole genome sequencing*-Daten

Dr. Leonie Forth

Bundesinstitut für Risikobewertung, Nationales Studienzentrum für Sequenzierungen in der Risikobewertung

Im letzten Jahrzehnt haben sich die Möglichkeiten des *whole genome sequencing* (WGS) durch die kontinuierliche Entwicklung neuer Methoden erweitert. Immer mehr Labore steigen von klassischer Diagnostik auf WGS um oder planen es in naher Zukunft. Die Qualität von Sequenzdaten ist hierbei ein kritischer Faktor, um reproduzierbare Ergebnisse aus den erzeugten Sequenzen sicherzustellen, gerade auch im Hinblick der Aufklärung von lebensmittelbedingten mikrobiellen Infektionsketten. In der Regel werden diese Untersuchungen von verschiedenen Laboren und Instituten gemeinsam durchgeführt. Um das Ausmaß der durch unterschiedliche Laborverfahren hervorgerufenen Variation in der Sequenzdatenqualität zu bestimmen und deren Auswirkung auf nachgelagerte Analysen zu bewerten, haben wir eine laborübergreifende Studie im Rahmen der §64 LFGB Arbeitsgruppe „NGS-Bakteriencharakterisierung“ durchgeführt. Die Studie, die in zwei zeitlich versetzte Versuche geteilt wurde, beinhaltete je 10 Kulturen und eine isolierte DNA von vier bakteriellen Erregern, die für einen Großteil der lebensmittelbedingten bakteriellen Infektionen verantwortlich sind: *Listeria monocytogenes* und *Salmonella enterica* (Versuch 1) sowie *Campylobacter* spp. und Shiga-Toxin produzierende *Escherichia coli* (Versuch 2). Die Teilnehmer, die aus Bundesforschungsinstituten, Landeslaboren, Universitäten und Diagnostikunternehmen stammten, wurden gebeten, ihre internen Routineprotokolle für die *short-read* WGS-Sequenzierung anzuwenden. Es erfolgte eine zentrale Auswertung der Rohdaten am Nationalen Studienzentrum für Sequenzierungen in der Risikobewertung zur einheitlichen Beurteilung der Qualität. Dabei wurden verschiedene Qualitätskriterien angewandt und Unterschiede in der Qualität auf ihre potentielle Ursache untersucht. Des Weiteren wurden nachgelagerte SNP- und cgMLST-calling Analysen durchgeführt, um die Auswirkungen der Qualitätsunterschiede auf eine etwaige Ausbruchsanalyse zu ermitteln. Insgesamt stellten wir fest, dass die Qualität der produzierten Sequenzdaten, die mit Illumina Geräten hergestellt wurden, unabhängig von dem verwendeten Modell hoch war, mit Ausnahme der Verwendung in Kombination mit dem Bibliotheksherstellungs-Kit Nextera XT (Illumina). Außerdem konnten wir bezüglich der Sequenzierungstechnologie beobachten, dass der Phred-Qualitätswert Q30, welcher ein Maß für die Wahrscheinlichkeit ist, dass eine Base an einer bestimmten Position der Sequenz falsch bestimmt wurde, bei Verwendung von Ion Torrent Geräten deutlich niedriger war. Dies wirkte sich in den nachgelagerten Sequenzanalysen unabhängig von der untersuchten Spezies aus. Ein Teil der Sequenzierungsartefakte konnte zwar durch die Verwendung von Filtern reduziert werden, hatte jedoch zur Folge, dass ebenfalls das Auflösungsvermögen der Analyse reduziert wurde. Insgesamt waren SNP-Analysen besser als cgMLST-Analysen geeignet, um die Daten von verschiedenen Laborteilnehmern gemeinsam zu untersuchen. Die laborübergreifende Studie zeigt, dass Labore für die Erzeugung von WGS Daten ein Qualitätsmanagement benötigen. Dies sichert die Generierung von qualitativ hochwertigen Daten, die anschließend für hochauflösende Sequenzvergleichsstudien genutzt werden können.

2.17 Vorkommen von Shiga-Toxin bildenden *E. coli* in Mehl

Tomke Prüser, Dr. Anne-Catrin Geuthner, Dr. Anett Krause, Prof. Dr. Dietrich Mäde

Landesamt für Verbraucherschutz Sachsen-Anhalt, Fachbereich Lebensmittelsicherheit

Sowohl in Deutschland als auch in anderen Ländern wurde in den vergangenen Jahren vermehrt über Nachweise von Shiga-Toxin bildenden *E. coli* (STEC) in Getreidemehlen oder rohen Teigen berichtet. Teilweise werden solcherart kontaminierte Produkte als Ursache für Erkrankungsgeschehen angesehen. Lebensmittelhygienisch erwächst daraus ein Risiko durch Verzehr von Erzeugnissen aus nicht gebackenen Teigen wie Keksteig zum Rohverzehr oder Naschen beim Backen. Wenn die STEC im Zusammenhang mit Erkrankungen im Menschen nachgewiesen werden, werden sie als EHEC bezeichnet. Kinder sind besonders empfänglich für diese EHEC Erkrankungen und es kommt bei einem hohen Anteil zu einem hämolytisch urämischem Syndrom (HUS), welches Nierenversagen und Tod als Folgen haben kann.

Das Vorkommen von STEC in Getreidemehlen und rohen Teigen ist eine mögliche Erklärung für die besonders hohe Inzidenz von EHEC bei Kindern. Studien zeigten zudem, dass das Risiko des Verzehrs von nicht durcherhitztem Mehl noch nicht allen Verbrauchern bewusst ist.

Der Nachweis der Erreger erfolgt durch die Kombination von mikrobiologischem und molekularbiologischem Verfahren, wobei die für die zum Verfolg epidemiologischer Zusammenhänge notwendige Erregerisolierung der schwierigste Part ist. Für Nachweis und Isolierung steht in Deutschland eine Methode im Rahmen der Amtlichen Sammlung nach § 64 LFGB zur Verfügung. Auch für lebensmittelrechtliche Gutachten bildet die Erregerisolierung die Grundlage.

Es konnten 2020–2021 nur in 0,9 % der untersuchten Getreideproben STEC isoliert werden. Dagegen wurden in landes- und bundesweiten Untersuchungsprogrammen in Deutschland in 9 % bis über 14 % der Mehlproben STEC isoliert. An welcher Stelle es genau zu der Vermehrung und Verbreitung von STEC kommt, ist bisher noch ungeklärt. Eine Möglichkeit ist die Vermehrung im Mühlenbetrieb, da Untersuchungen in Mühlen in Sachsen -Anhalt einen Zusammenhang von Nachweisquote und Mühlenbetrieb zeigten. Um die Möglichkeit einer Vermehrung im Mühlenbetrieb zu untersuchen und um zu erkennen an welcher Stelle im Prozess die Vermehrung von STEC erfolgt, wurden Stufenkontrollen in Betrieben mit häufigen STEC Befunden entnommen. Als Stufenkontrollen wurden Getreide-, Mehl- und Staubproben an verschiedenen Prozessstufen entnommen. Die Auswertung der Ergebnisse zeigte als besondere Auffälligkeit STEC in allen Staubproben über den gesamten Prozess hinweg. Hiermit wurde Staub als mögliche Quelle der Kontamination des Fertigproduktes Mehl nachgewiesen. Damit kommt der Prozessführung und in der Konsequenz dem Management der Betriebe eine wesentliche Bedeutung zur Verbesserung der gegenwärtigen Situation zu.

2.18 ZooNotify – Zoonosendaten aus der Lebensmittelkette verfügbar machen

Dr. Carolina Plaza-Rodriguez, Dr. Dominic Tölle, PD Dr. Bernd-Alois Tenhagen, Dr. Katja Alt
Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung Biologische Sicherheit

Die Bereitstellung qualitativ hochwertiger Daten spielt eine herausragende Rolle in der Risikobewertung und Politikberatung. Ebenso sind repräsentative Referenzdaten für wissenschaftliche Forschungsarbeiten eine wichtige Grundlage, um neue Ideen zu entwickeln sowie eigene Ergebnisse sinnvoll einzuordnen und zu bewerten. In Deutschland werden Daten bezüglich lebensmittelassoziierter Zoonoseerreger und anderer antimikrobiell resistenter Bakterien aus der Lebensmittelkette bisher vorwiegend in Berichten im Papier oder PDF-Format veröffentlicht. Obwohl das gewisse Vorteile hat (*quod scriptum est manet*), beschränkt es die Nutzung der Daten in vielerlei Hinsicht. Das resultiert einerseits aus der häufigen Aggregation der Daten und andererseits aus der erschwerten Wiederverwendbarkeit, da eine zeitaufwändige Extraktion und technische Aufbereitung aus den Papierdokumenten erforderlich ist. Die Suche beschränkt sich selten auf die bloße Erfassung einer einzigen Kennzahl; vielmehr sind zeitliche Entwicklungen und eine detaillierte Analyse der Erregereigenschaften oft von Interesse. Die Extraktion solcher Informationen aus PDF-Dateien gestaltet sich als mühselig und zeitraubend.

Mit dem Projekt ZooNotify widmet sich das Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) dieser Herausforderung, indem es schrittweise die Verfügbarkeit dieser Daten verbessert. In den vergangenen Wochen wurde die erste Stufe dieses Projekts erfolgreich abgeschlossen. Die Resistenz- und Typisierungsdaten der im Rahmen des Zoonosen-Monitorings an das BfR eingesandten Isolate aus den Jahren 2012-2021 stehen jetzt, zunächst noch in aggregierter Form, als Tabellen und graphische Darstellungen zur Verfügung. Kontinuierlich wird an einer Erweiterung des Angebots auf die Prävalenzdaten aus dem Monitoring sowie anderen Programmen und aus der Überwachung gearbeitet. Dabei wird ein ausgewogener Detailgrad der Daten gewährleistet, um die Vertraulichkeit der Informationen zu wahren und individuelle Betriebe unkenntlich zu halten. Insbesondere im Bereich der Schlachtbetriebe ergeben sich Einschränkungen aufgrund der begrenzten Anzahl an Betrieben.

Dennoch ist das interaktive Webtool ZooNotify bestrebt, eine umfangreiche Informationsquelle bereitzustellen. Diese umfasst Tabellen, Grafiken und maschinenlesbare Daten, die durch individuelle Abfragen abgerufen und für weitere Analysen genutzt werden können. Auch strebt das System einen Überblick über die vorhandenen Daten an. Ausgehend von dieser Information kann dann gezielt am BfR nachgefragt werden, ob für wissenschaftliche Projekte die Möglichkeit besteht, weitergehende Informationen zu den Daten zu erhalten, die im Portal selbst noch nicht zu erhalten sind.

Schließlich erfüllt die Plattform die rechtlichen Vorgaben des „Open Data“ Gesetzes, wobei der Fokus darauf liegt, die Daten nicht nur oberflächlich zugänglich zu machen, um gesetzlichen Anforderungen zu genügen, sondern vielmehr sicherzustellen, dass sie in einer verständlichen Form bereitgestellt werden, um eine breite Palette von Interessengruppen zu bedienen und ihre Nutzbarkeit zu gewährleisten.

3 Verzeichnis der Autorinnen und Autoren

Alt, Katja 35
Althof, Nadine 14
Bandick, Niels 22
Baron, Sandrine 11
Beterams, Anja 22
Braun, Ann-Sophie 26
Carstens, Gesa 24
Egner, Sebastian 24
Falenski, Alexander 13
Forth, Leonie 33
Freitag, Christin 26
Frentzel, Hendrik 28
Friese, Anika 15, 24
Geuthner, Anne-Catrin 34
Göllner, Cornelia 12
Gottschald, Marion 13
Grabowski, Nils Th. 18
Hambsch, Beate 24
Hammerl, Jens Andre 12
Hassel, Melanie 26
Heise, Janine 28
Hettfleisch, Julia 26
Jäckel, Claudia 12
Johne, Reimar 14
Kehrenberg, Corinna 26
Kirse, Alina 22
Krause, Anett 34
Kreienbrock, Lothar 22
Kumm, Franziska 26
Macori, Guerrino 17
Mäde, Dietrich 34
Manta, Diana 12
Marino, Stephen F. 20
Maurischat, Sven 28
Nekat, Jonas 12
Plaza-Rodriguez, Carolina 8, 35
Prüser, Tomke 34
Reich, Felix 22
Reichelt, Benjamin 15
Richter, Martin Heinrich 10
Rösler, Uwe 15, 24
Rügen, Marco 13
Scholtzek, Anissa D. 28
Stingl, Kerstin 15
Szott, Vanessa 15
Tenhagen, Bernd-Alois 8, 13, 35
Tölle, Dominic 35
Treffon, Janina 30
Trojnar, Eva 14
Yüksel, Latife 13