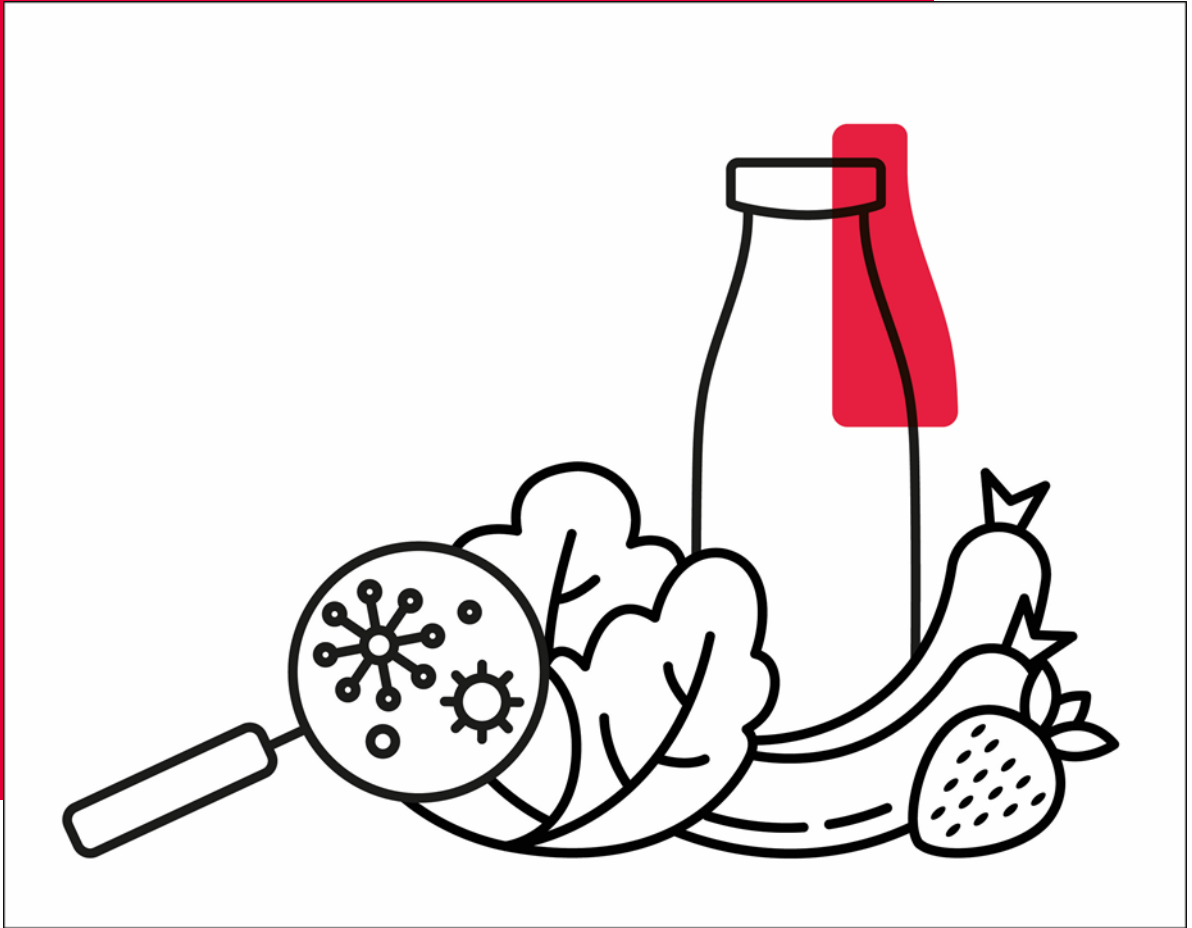




6. BfR-Symposium Lebensmittel- assoziierte Viren

27. November 2025, Berlin

Grußwort

Wir heißen Sie zum sechsten BfR-Symposium „Lebensmittelassoziierte Viren“ des Bundesinstituts für Risikobewertung sehr herzlich willkommen. Nachdem das erste Symposium dieser Art im Jahr 2009 noch in kleinem Rahmen stattfand, hat es sich inzwischen in dem deutschsprachigen Raum zu einer wichtigen Plattform für den Wissensaustausch auf dem Gebiet der Lebensmittelassoziierten Viren entwickelt. Wir freuen wir uns deswegen besonders, das Symposium erneut im Hybrid-Format für eine breitere Zuhörerschaft anbieten zu können. Es ist uns ein großes Anliegen mit diesem Symposium sowohl die Vernetzung der Forschung auf diesem Gebiet weiter voranzutreiben als auch über Aspekte wie die aktuelle epidemiologische Situation einzelner Virusinfektionen, neuartige Nachweismethoden für Viren in Lebensmitteln oder Möglichkeiten für eine verbesserte Hygiene zu informieren. Das Symposium richtet sich an Interessierte aus wissenschaftlichen Einrichtungen, Untersuchungsämtern und Überwachungsbehörden aus dem deutschsprachigen Raum.

Virusbedingte Erkrankungen durch den Verzehr kontaminierter Lebensmittel haben für den gesundheitlichen Verbraucherschutz nach wie vor eine große Bedeutung. Häufig sind humane Noroviren und Hepatitis A-Viren die Auslöser solcher Infektionen, die durch ungenügende Hygiene bei Anbau, Herstellung oder Zubereitung der Lebensmittel zu Kontaminationen führen. Für Hepatitis-E-Viren steht dagegen eine zoonotische Übertragung durch den Verzehr von nicht ausreichend erhitzten Fleischprodukten von Schweinen und Wildtieren nach wie vor im Mittelpunkt. Dem gegenüber sind die genauen Übertragungswege des erst kürzlich als Zoonose-Erreger identifizierten Ratten-Hepatitis E-Virus noch nicht klar. Weitere Erreger wie hochpathogene Influenzaviren (H5N1) wurden in Milch- und Milchprodukten von infizierten Kühen nachgewiesen und könnten deshalb lebensmittelhygienische Bedeutung erlangen. Auch die genaue Bedeutung von Adenoviren als Lebensmittel-übertragene Erreger von Magen-Darm-Erkrankungen ist noch wenig untersucht. Es erscheint deswegen wichtig, für diese verschiedenen Viren effiziente Nachweissysteme zu entwickeln, die genauen Übertragungswege aufzudecken sowie wirksame Bekämpfungsstrategien zu entwickeln.

Zu Beginn des diesjährigen Symposiums wird Prof. Dr. Martin Beer über Hintergründe und Entwicklungen zu Influenzaviren (H5N1) im Milchvieh informieren. Anschließend wird Dr. Mirko Faber eine Übersicht zu Trends und aktuellen Entwicklungen bei humanen Erkrankungen durch lebensmittelassoziierte Viren in Deutschland geben. Die drei folgenden wissenschaftlichen Sessions behandeln in Kurzvorträgen aktuelle Themen zu grundlegenden Eigenschaften von ausgewählten Viren, zu neu entwickelten Nachweis- und Typisierungsmethoden sowie zu Aspekten von Hygiene, Inaktivierung und Bewertung von Virusnachweisen.

Wir hoffen, Ihnen damit ein spannendes und abwechslungsreiches Programm bieten zu können und wünschen Ihnen ein interessantes Symposium sowie viele anregende Gespräche zwischen den Teilnehmenden.

Professor Dr. Dr. Dr. h. c. Andreas Hensel
Professor Dr. Reimar Johne

Inhaltsverzeichnis

Grußwort	2
Inhaltsverzeichnis	3
1 Programm	4
2 Vorträge	6
2.1 Vogelgrippe im Milchvieh – was läuft da falsch?	6
2.2 Trends und aktuelle Entwicklungen bei humanen Erkrankungen durch lebensmittelassoziierte Viren in Deutschland	7
2.3 Adenovirus DNA: molekulare menschliche Fußspuren?	8
2.4 Ratten-HEV – ein neuer zoonotischer Erreger in Deutschland?	9
2.5 To host or not to host: Zellkultursysteme zur Untersuchung der HEV und Ratten-HEV Wirtsspezifität	10
2.6 Abwasserbasierte Virusüberwachung – Stand, Nutzen und Ausblick	11
2.7 Die lange Reise zur Virusisolierung: HAV und HEV in Zellkultur	12
2.8 Amplikon-basierte Next-Generation Sequencing-Methode zur Typisierung humaner Norovirus-Stämme	13
2.9 Validierung einer Nachweismethode für Adenoviren auf Lebensmitteln	14
2.10 Beurteilung von Virus-Nachweisen in der amtlichen Lebensmitteluntersuchung	15
2.11 Testung und Effizienz von Desinfektionsmitteln gegen Noroviren	16
2.12 Wenn Alkohol nicht reicht: Zur Stabilität von Hepatitis A und Hepatitis E Viren	17
2.13 Stabilität und Inaktivierung von HEV bei der Herstellung von Fleischprodukten	18
3 Verzeichnis der Autorinnen und Autoren	19

1 Programm

Donnerstag, 27. November 2025

Moderation: Prof. Dr. Reimar Johne, Bundesinstitut für Risikobewertung

10:00–10:15 Uhr	Begrüßung Prof. Dr. Dr. Dr. h. c. Andreas Hensel und Prof. Dr. Reimar Johne Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
-----------------	---

10:15–10:45 Uhr	Vogelgrippe im Milchvieh – was läuft da falsch? Prof. Dr. Martin Beer Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems
-----------------	--

10:45–11:15 Uhr	Trends und aktuelle Entwicklungen bei humanen Erkrankungen durch lebensmittelassoziierte Viren in Deutschland Dr. Mirko Faber Robert Koch-Institut, Berlin
-----------------	---

11:15–11:45 Uhr	Kaffeepause
-----------------	-------------

Session I: Grundlagen

Session Chair: Dr. Eva Trojnar, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

11:45–12:05 Uhr	Adenovirus DNA: molekulare menschliche Fußspuren? Dr. Albert Heim Medizinische Hochschule Hannover, Hannover
-----------------	---

12:05–12:25 Uhr	Ratten-HEV – ein neuer zoonotischer Erreger in Deutschland? Prof. Dr. Reimar Johne Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
-----------------	--

12:25–12:45 Uhr	To host or not to host: Zellkultursysteme zur Untersuchung der HEV und Ratten-HEV Wirtsspezifität Dr. Alexander Falkenhagen Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
-----------------	---

12:45–13:45 Uhr	Mittagspause
-----------------	--------------

Session II: Nachweismethoden

Session Chair: Dr. Nadine Althof, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

13:45–14:05 Uhr	Abwasserbasierte Virusüberwachung – Stand, Nutzen und Ausblick Dr. René Kallies Umweltbundesamt, Berlin
-----------------	--

14:05–14:25 Uhr	Die lange Reise zur Virusisolierung: HAV und HEV in Zellkultur Dr. Mathias Schemmerer Universitätsklinikum Regensburg, Regensburg
-----------------	--

14:05–14:25 Uhr	Amplikon-basierte Next-Generation Sequencing-Methode zur Typisierung humaner Norovirus-Stämme Jessica Panajotov Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
-----------------	---

14:25–15:05 Uhr	Validierung einer Nachweismethode für Adenoviren auf Lebensmitteln Dr. Eva Trojnar Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
-----------------	--

15:05–15:35 Uhr	Kaffeepause
-----------------	-------------

Session III: Hygiene, Inaktivierung und Bewertung

Session Chair: Dr. Alexander Falkenhagen, Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin

15:35–15:55 Uhr	Beurteilung von Virus-Nachweisen in der amtlichen Lebensmitteluntersuchung Dr. Juliane Pfennig Thüringer Landesamt für Verbraucherschutz, Bad Langensalza
-----------------	--

15:55–16:15 Uhr	Testung und Effizienz von Desinfektionsmitteln gegen Noroviren Dr. Maren Eggers Labor Enders, Stuttgart
-----------------	--

16:15–16:35 Uhr	Wenn Alkohol nicht reicht: Zur Stabilität von Hepatitis A und Hepatitis E Viren Prof. Dr. Daniel Todt Ruhr-Universität Bochum, Bochum
-----------------	--

16:35–16:55 Uhr	Stabilität und Inaktivierung von HEV bei der Herstellung von Fleischprodukten Dr. Katja Schilling-Loeffler Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
-----------------	--

16:55–17:10 Uhr	Schlusswort Prof. Dr. Reimar Johne Bundesinstitut für Risikobewertung, Berlin
-----------------	--

2 Vorträge

2.1 Vogelgrippe im Milchvieh – was läuft da falsch?

Martin Beer

Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald – Insel Riems

Abstract lag bei Redaktionsschluss nicht vor.

2.2 Trends und aktuelle Entwicklungen bei humanen Erkrankungen durch lebensmittelassoziierte Viren in Deutschland

Mirko Faber¹, Sandra Niendorf², Julia Enkelmann¹

¹ Robert Koch-Institut, Abteilung für Infektionsepidemiologie

² Robert Koch-Institut, Konsiliarlabor für Noroviren

Lebensmittelassoziierte Viren stellen seit vielen Jahren eine zentrale Herausforderung für die öffentliche Gesundheit dar. In Deutschland gehören insbesondere Noroviren, Rotaviren sowie die Hepatitisviren A und E zu den bedeutendsten viralen Erregern, die über kontaminierte Lebensmittel oder Wasser übertragen werden können.

Noro- und Rotavirusinfektionen sind vor allem durch ihre hohe Kontagiosität und saisonale Häufungen charakterisiert. Von Norovirusinfektionen sind insbesondere Säuglinge und alte Menschen in Gemeinschaftseinrichtungen betroffen, jedoch sind auch große lebensmittelbedingte Ausbrüche beschrieben. Bei den Rotaviren zeigen sich durch die Einführung von Impfprogrammen in den letzten Jahren deutliche Veränderungen in der Epidemiologie, der Diversität und der Altersverteilung. Die Hepatitis A tritt in Deutschland weiterhin vergleichsweise selten auf und steht häufig im Zusammenhang mit importierten Infektionen oder Ausbrüchen nach dem Verzehr kontaminierter Lebensmittel. Demgegenüber hat die autochthone Hepatitis E in den letzten Jahren erheblich an Bedeutung gewonnen, wobei tierische Lebensmittel – insbesondere Schweinefleischprodukte – eine gesicherte Infektionsquelle darstellen.

Der Vortrag beleuchtet aktuelle epidemiologische Entwicklungen auf Basis der Meldedaten, zeigt Veränderungen in den Erkrankungstrends und diskutiert mögliche Einflussfaktoren wie Impfprogramme, Konsumgewohnheiten und demografische Aspekte. Darüber hinaus werden Herausforderungen für die Surveillance und die Lebensmittelsicherheit thematisiert

2.3 Adenovirus DNA: molekulare menschliche Fußspuren?

Albert Heim

Institut für Virologie, Adenovirus Konsiliarlabor, Medizinische Hochschule Hannover

Die humanen Adenoviren (HAdV, neue Taxonomie: humane Mastadenoviren) sind unbehüllte DNA-Viren, die in sieben Spezies eingeteilt werden: HAdV-A bis HAdV-G. Eine genauere Differenzierung auf Subspezies-Niveau erfolgt in der Zeit 117 Typen. HAdV infizieren ausschließlich Menschen (Ausnahme: andere Primaten) und sind weltweit endemisch verbreitet. Da die nach Infektion entstehende Immunität typspezifisch ist, kommt es im Laufe des Lebens zu mehreren HAdV-Infektionen mit unterschiedlichen Typen. Übertragungswege sind direkter Kontakt, Schmierinfektion, die Übertragung durch Tröpfchen und (selten) durch Badegewässer.

Einige der HAdV-Typen können aber epidemisch auftreten und sind dabei mit typischen Krankheitsbildern assoziiert z.B. die Typen 8, 37, 53 und 64 der Spezies HAdV-D mit Keratokonjunktivitis epidemica, Typ 40 und 41 (Spezies HAdV-F) mit Gastroenteritis und die Typen 4 (Spezies HAdV-E), 7, 14, 55, 66 und 114 (Spezies HAdV-B) mit schweren respiratorischen Infektionen. Am häufigsten sind aber die meist endemischen Infektionen mit den Typen 1, 2 und 5 (Spezies HAdV-C), die zu eher milden respiratorischen Erkrankungen mit Begleitgastroenteritiden führen. Außerdem gibt es nach akuten HAdV-Infektionen, insbesondere bei Kindern, latente HAdV-Infektionen, bei denen über Jahre sporadisch geringe HAdV-Mengen mit Stuhl und respiratorischen Sekreten ausgeschieden werden. Dies dürfte epidemiologisch keine Bedeutung haben, HAdV-Superinfektionen mit anderen Typen können jedoch dann zur Entstehung von neuen HAdV-Typen durch Rekombination führen.

Da HAdV sehr umweltstabil sind und selbst nach dem Verlust der Infektiosität das virale Kapsid die HAdV-DNA noch vor Abbau schützt, ist HAdV-DNA auch mit sensitiven Methoden (PCR) in der Umwelt als Spuren der Menschen nachweisbar. Bedeutung haben die HAdV-DNA-Nachweise insbesondere in Abwässern und davon ausgehend als Indikatoren einer fäkalen Kontamination bekommen. Quantitative PCRs und eine Differenzierung auf HAdV-Speziesebene (durch "deep sequencing") können helfen, diese kritisch zu beurteilen. Es ist damit zu rechnen, dass beim epidemischen Auftreten von HAdV-Gastroenteritis die Viruslasten in Abwässern deutlich ansteigen und dann z.B. HAdV-DNA der Spezies F in diesen klar dominiert. Allerdings sollte nicht vergessen werden, dass HAdV-DNA der vielen anderen Typen auch in großen Mengen mit respiratorischen (und Augen-) Sekreten freigesetzt wird, die natürlich auch in Abwässer gelangen, aber auch auf anderen Wegen in der Umwelt verteilt werden. Der alleinige Nachweis von HAdV-DNA in Umweltproben kann deshalb nicht immer als fäkale Kontamination gewertet werden, sondern evtl. nur als Fußspuren der Menschen.

2.4 Ratten-HEV – ein neuer zoonotischer Erreger in Deutschland?

Reimar Johne

Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung für biologische Sicherheit, Fachgruppe Viren in Lebensmitteln

Das Ratten-Hepatitis E-Virus (Ratten-HEV) wurde von unserer Arbeitsgruppe erstmals im Jahr 2010 in wildlebenden Wanderratten (*Rattus norvegicus*) aus Hamburg identifiziert. Es ist verwandt mit den mittlerweile gut bekannten humanpathogenen HEV-Genotypen 1 – 4, wurde jedoch wegen seiner genetischen Unterschiede in eine eigene Virusspezies *Rocahepevirus rattii* eingeteilt. Das Virus wurde mittlerweile weltweit in verschiedenen Rattenarten nachgewiesen. Während zunächst angenommen wurde, dass dieses Virus ausschließlich Ratten infiziert, wurde es später auch vereinzelt in anderen Tierarten nachgewiesen. Seit 2018 ist bekannt, dass sich auch Menschen mit Ratten-HEV infizieren können und dadurch eine akute oder chronische Hepatitis ausbilden können.

Der Vortrag soll einen Überblick über den aktuellen Wissensstand zum Ratten-HEV geben und dabei auch neuere eigene Untersuchungsergebnisse vorstellen. Dies beinhaltet Ergebnisse einer aktuellen Untersuchung zum Vorkommen von Ratten-HEV in wildlebenden Ratten in Berlin, die eine kontinuierliche Zirkulation dieses Virus in der Ratten-Population nahelegen. Weiterhin wurden in einer Zusammenarbeit mit der Charité Berlin auch humane Proben untersucht, die zur Identifikation der ersten Ratten-HEV-Infektion bei einem Patienten in Deutschland führten.

Die Ergebnisse zeigen, dass das Ratten-HEV als neuartiger Krankheitserreger beim Menschen in Deutschland in Betracht gezogen werden muss, auch wenn die Nachweisrate als gering angesehen werden muss. Da sich die meisten der weltweit beschriebenen Erkrankten nicht an direkten Kontakt mit Ratten erinnern, bleibt unklar, wie der genaue Übertragungsweg des Virus von der Ratte auf den Menschen aussieht. Neben Kontakten zu Ausscheidungen von Ratten könnten hier auch Zwischenwirte eine Rolle spielen, wie der Nachweis von Ratten-HEV in Schweinen in Spanien kürzlich nahelegte. Weitere Untersuchungen sind nötig, um die Eigenschaften und die Übertragungswege des Ratten-HEV besser zu verstehen und dadurch Empfehlungen zur Verhinderung von Erkrankungen beim Menschen entwickeln zu können.

2.5 To host or not to host: Zellkultursysteme zur Untersuchung der HEV und Ratten-HEV Wirtsspezifität

Alexander Falkenhagen, Jessica Panajotov, Reimar Johne

Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung für biologische Sicherheit, Fachgruppe Viren in Lebensmitteln

Das Hepatitis-E-Virus (HEV) zählt mit geschätzten 20 Millionen Infektionen pro Jahr zu den wichtigsten Erregern von Hepatitiden beim Menschen. Trotz relativ enger Verwandtschaft unterscheidet sich der Wirtszelltropismus von HEV Genotyp 1 (HEV-1), Genotyp 3 (HEV-3) und Ratten-HEV deutlich. HEV-1 ist spezifisch für Menschen, während HEV-3 und Ratten-HEV Tiere und Menschen infizieren können. Dabei stellen Schweine das bedeutendste Reservoir für HEV-3 dar und Ratten für Ratten-HEV.

Um Anhaltspunkte darüber zu gewinnen, welche Faktoren den Wirtszelltropismus von HEV und Ratten-HEV beeinflussen, sind effiziente Zellkultursysteme unerlässlich. Allerdings lassen sich HEV und Ratten-HEV nur schwer in Zellkultur vermehren. Wir haben die Replikation von HEV-1 Sar55, Ratten-HEV R63 und Ratten-HEV pt2 in verschiedenen humanen und tierischen Zelllinien analysiert und mit der Replikation von HEV-3 47832c verglichen.

Dazu wurden Zellen mit viraler RNA transfiziert oder mit den jeweiligen Viren infiziert und die Anzahl der viralen Genomkopien im Zellkulturüberstand wurde mittels RT-qPCR bestimmt. Infizierte Zellen wurden anhand von Immunofluoreszenztests mit gegen das virale Kapsidprotein gerichteten Antikörpern visualisiert. HEV-1 und HEV-3 ließen sich in humanen Dickdarmkarzinomzellen (Caco-2) vermehren, wobei höhere Titer für HEV-1 erreicht wurden. Im Gegensatz dazu fand keine Replikation von HEV-1 in porzinen Nierenzellen (LLC-PK1) statt, während HEV-3 sich in dieser Zelllinie vermehren ließ. HEV-3 und beide Ratten-HEV Stämme konnten in einer humanen Leberkarzinomzelllinie (HuH7-Lunet BLR) angezogen werden. Allerdings war die Infektion von drei Rattenleber-Zelllinien weder mit HEV-3 noch den beiden Ratten-HEV Stämmen erfolgreich.

Die etablierten Zellkultursysteme sollen nun dafür verwendet werden, die Wirtszellspezifität der Viren genauer zu untersuchen. In ersten Versuchen konnte z.B. gezeigt werden, dass im Vergleich zu HEV-3 zehnmal weniger HEV-1 in porzinen LLC-PK1 Zellen internalisiert wurde und dementsprechend schon ein früher Schritt im viralen Replikationszyklus geblockt scheint. Die Ergebnisse sollen dabei helfen, das Verständnis von Virus-Wirt Interaktionen zu vertiefen und die unterschiedliche Wirtszellspezifität von HEV zu erklären. Sie können auch dazu dienen, das Risiko zukünftiger Änderungen der Wirtsspezifität dieser Viren abzuschätzen.

2.6 Abwasserbasierte Virusüberwachung – Stand, Nutzen und Ausblick

René Kallies

Umweltbundesamt, Fachgebiet II 1.4 Mikrobiologische Risiken

Der Nachweis von Viren in Rohabwasser ist Teil der abwasserbasierten Epidemiologie (Wastewater-Based Epidemiology, WBE) und hat sich in den vergangenen Jahren zu einem international etablierten Instrument der öffentlichen Gesundheit entwickelt. Während zunächst vor allem Grundlagen zum Nachweis respiratorischer Viren wie SARS-CoV-2, Influenza-Virus (einschließlich zoonotischer Typen) und RSV geschaffen wurden, bietet die WBE inzwischen auch Möglichkeiten zur Überwachung lebensmittel- und umweltassoziierten Viren wie Hepatitis-A- und -E-Viren, Norovirus und Adenovirus.

Der Vortrag gibt einen Überblick über den aktuellen Stand der WBE in Deutschland und international, einschließlich eingesetzter Nachweismethoden, aktueller Herausforderungen, Qualitätsstandards und Normungsaktivitäten. Anhand ausgewählter Beispiele wird der praktische Nutzen verdeutlicht – unter anderem für die frühzeitige Erkennung von Ausbrüchen, die Erfassung saisonaler Trends in der Viruszirkulation, die Erfassung asymptomatischer Infektionen sowie nicht meldepflichtiger Viren. Darüber hinaus bietet die WBE-Ansätze für eine ergänzende genomische Surveillance, die klinische Daten erweitert und zu einer robusteren Beurteilung der epidemiologischen Gesamtlage beiträgt.

Ein kurzer Blick auf (inter)nationale Monitoring-Programme und Bestrebungen zur Harmonisierung methodischer Abläufe führt zu den zentralen Herausforderungen der WBE: der zuverlässige Nachweis niedriger Viruskonzentrationen in einer komplexen Abwassermatrix, tagesabhängige Variabilität an einem Standort, Unterschiede zwischen Standorten sowie die Interpretation der gewonnenen Daten.

Abschließend werden Zukunftsperspektiven beleuchtet. Dazu gehören die Erweiterung des Testpanels um weitere Viren, das Potenzial zur Früherkennung neuartiger Erreger, die Integration der WBE in One-Health-Strategien sowie die Verknüpfung mit bestehenden Surveillance-Systemen im Sinne einer integrierten Risikobewertung.

2.7 Die lange Reise zur Virusisolierung: HAV und HEV in Zellkultur

Mathias Schemmerer, Anna Bakos, Anouk Langer, Monika Erl, Jürgen Wenzel

Konsiliarlabor für HAV und HEV, Institut für Mikrobiologie und Hygiene, Universitätsklinikum Regensburg

Das Hepatitis-A-Virus (HAV) und Hepatitis-E-Virus (HEV) sind kleine RNA-Viren, die weltweit verbreitet sind. Grundsätzlich werden beide Erreger fäkal-oral übertragen und galten früher als reiseassoziierte Erkrankung. Mittlerweile ist bekannt, dass die Viren auch in industrialisierten Ländern mit hohen Hygienestandards endemisch sind und dort hauptsächlich alimentär übertragen werden. HEV nimmt hierbei eine Sonderrolle ein, da die Epidemiologie und Transmission stark Genotyp-abhängig sind. So werden die exklusiv humanpathogenen Genotypen 1 und 2 (HEV-1 und -2) in subtropischen Ländern ausschließlich fäkal-oral übertragen, während die zoonotischen Genotypen HEV-3 weltweit und HEV-4 in Asien alimentär übertragen werden.

Die erste erfolgreiche Isolation von HAV in Zellkultur gelang nach über 50 Jahren erstmals 1979 in Leber- und Nierenzellen aus Primaten. Seitdem konnten weitere HAV-Stämme auch in anderen Gewebetypen wie Lunge und Intestin isoliert und passagiert werden. Wir haben zuletzt eine Auswahl an acht Zelllinien systematisch mit bereits zellkulturadaptierten als auch de novo isolierten Stämmen unterschiedlicher Genotypen verglichen. Alle getesteten Zellkulturen waren unterschiedlich hoch permissiv, wobei die effizienteste Replikation in der Leberzelllinie HuH-7 beobachtet werden konnte.

HEV wurde erstmals 1978 im Kontext einer Non-A-, Non-B-Hepatitis-Epidemie in Indien beschrieben und konnte 1983 mittels Elektronenmikroskopie nachgewiesen werden. Bereits 1987 konnte HEV in den Leberkarzinomzellen PLC/PRF/5 isoliert werden, wobei sich die Forschung zunächst auf HEV-1 konzentrierte. Im Jahr 2007 gelang es dann auch HEV-3 zusätzlich in den Lungenkarzinomzellen A549 effizient zu propagieren. Dieses Zellkultursystem nahmen wir im Konsiliarlabor als Grundlage für weitere Optimierung hinsichtlich Wahl der Zelllinien und Mediumsupplemente. Dabei zeigten sich die Leberzelllinien PLC/PRF/5, HuH-7 und deren Subklon HuH-7-Lunet BLR am permissivsten. Die Supplementierung von $MgCl_2$ und überraschenderweise dem Antimykotikum Amphotericin B steigerte die Replikationsrate zusätzlich.

Beide Zellkultursysteme stellen ein unverzichtbares Werkzeug in der Bestimmung der Infektiosität dar und erlauben das Testen von antiviralen Substanzen in vitro auf eine breite Auswahl an HAV- und HEV-Isolaten unterschiedlicher Genotypen. Aufgrund der langen Inkubationszeiten beider Viren muss die Zellkultur jedoch über Wochen bis Monate angelegt werden.

2.8 Amplikon-basierte Next-Generation Sequencing-Methode zur Typisierung humaner Norovirus-Stämme

Jessica Panajotov, Reimar Johne

Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung für biologische Sicherheit, Fachgruppe Viren in Lebensmitteln

Infektionen mit dem Norovirus stellen die Hauptursache viraler Durchfallerkrankungen in Deutschland dar. Das Virus infiziert ausschließlich Menschen und wird über den fäkal-oralen Weg übertragen. Neben Virusübertragungen durch direkten Mensch-zu-Mensch-Kontakt oder kontaminierte Oberflächen stellen kontaminierte Lebensmittel eine wichtige Infektionsquelle dar. Hierbei werden Beerenfrüchte und Muscheln, die durch Kontakt mit Abwasser kontaminiert werden können, relativ häufig als Auslöser von Erkrankungsausbrüchen identifiziert. In Ausbruchsgeschehen werden derzeit vor allem PCR-Methoden in Kombination mit Sanger-Sequenzierungen eingesetzt, um die involvierten Stämme und damit die Übertragungswege zu identifizieren. Diese Methoden weisen in der Regel aber nur den dominanten Stamm in einer Probe nach, obwohl bei Abwasser-Kontaminationen häufig mehrere Stämme gleichzeitig involviert sind.

Um alle in einer Probe vorhandenen Norovirus-Stämme erfassen und genetisch charakterisieren zu können, wurden sogenannte Amplikon-basierte Next-Generation Sequencing (NGS)-Methoden entwickelt. Hierbei wird ein Abschnitt der Norovirus-Genome zunächst unter Nutzung breit reagierender Primer-systeme mittels RT-PCR amplifiziert und anschließend eine Library hergestellt, die dann mittels NGS sequenziert wird. Die erhaltenen Sequenzdaten werden mittels spezifischer Software schrittweise bearbeitet und einer Typisierung durch Vergleich mit einer Sequenz-Datenbank unterzogen. Dies ermöglicht die Identifizierung mehrerer in der Probe enthaltenen Norovirus-Stämme.

Am NRL für durch Lebensmittel übertragbare Viren am BfR wird derzeit ein vom EURL for Foodborne Viruses (Uppsala, Schweden) erarbeitetes Protokoll für eine Amplikon-basierte NGS-Methode zur Norovirus-Typisierung etabliert sowie ausgetestet. Im Vortrag wird die Methode vorgestellt und die ersten Ergebnisse bei deren Anwendung gezeigt sowie weitergehend diskutiert.

2.9 Validierung einer Nachweismethode für Adenoviren auf Lebensmitteln

Eva Trojnar, Nadine Althof, Reimar Johné

Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung für biologische Sicherheit, Fachgruppe Viren in Lebensmitteln

Humane Adenoviren (HAdV) gehören zu der Familie *Adenoviridae*. Sie sind unbehüllt und besitzen ein doppelsträngiges DNA-Genom von 34 000–38 000 Basenpaare (bp) Länge. In den sieben definierten Spezies (A–G) wurden durch klassische serologische Verfahren mindestens 52 Serotypen identifiziert. Enterische HAdV vom Typ 40 und 41 (Spezies F) lösen vor allem bei Säuglingen und Kleinkindern akute Gastroenteritiden aus. Die Übertragung erfolgt fäkal-oral und ist dementsprechend auch über oberflächlich kontaminierte Lebensmittel möglich. Das genaue Ausmaß und die Bedeutung von Lebensmittel-bedingten Infektionen mit enterischen HAdV ist bisher nicht bekannt, auch weil gut charakterisierte Nachweismethoden für diese Viren in Lebensmitteln bisher weitgehend fehlen.

Im Vortrag wird deshalb eine neu etablierte Nachweismethode zum Nachweis von enterischen HAdV auf Lebensmitteloberflächen vorgestellt. Die Methode basiert auf zwei aufeinanderfolgenden Modulen, wobei zunächst eine Elution der Viren von der Lebensmittel-Oberfläche mittels Tupfer und anschließend der Nachweis des viralen Genoms mittels real time PCR erfolgt. Weil Adenoviren im Gegensatz zu den meisten anderen Lebensmittel-assoziierten Viren ein Genom aus DNA besitzen, mussten die PCR-Kits und die eingesetzten Kontrollen darauf abgestimmt werden. Als Prozesskontrolle wurde deshalb der DNA-Phage Lambda verwendet, für dessen Nachweis auch eine entsprechende PCR etabliert wurde.

Die entwickelte Nachweismethode wurde in einem Ringversuch mit 11 unabhängigen Laboren erfolgreich validiert und ist seit 2025 in der amtlichen Sammlung von Untersuchungsverfahren nach Paragraph 64 LFGB verfügbar.

2.10 Beurteilung von Virus-Nachweisen in der amtlichen Lebensmitteluntersuchung

Juliane Pfennig

Thüringer Landesamt für Verbraucherschutz, Abteilung Lebensmittel-Untersuchung

Noroviren und Hepatitis A-Viren gehören in Deutschland zu den bedeutendsten Erregern von lebensmittelassoziierten Magen-Darm-Erkrankungen beim Menschen. Sie sind in der Umwelt sehr stabil und werden hauptsächlich über Kontakt zu Infizierten und deren Ausscheidungen sowie über kontaminierte Oberflächen übertragen. Darüber hinaus spielen Lebensmittel, die mit Noroviren und Hepatitis A-Viren kontaminiert sind, eine wichtige Rolle als Ansteckungsquelle^{a)}.

Im Jahr 2010 wurde in einer Arbeitsgruppe des ALTS (Arbeitskreis der auf dem Gebiet der Lebensmittelhygiene und der Lebensmittel tierischer Herkunft tätigen Sachverständigen) eine Beurteilungsgrundlage für den Nachweis von Noroviren in Lebensmitteln und Umgebungsproben erarbeitet. Diese wurde bisher von allen Bundesländern in der amtlichen Lebensmitteluntersuchung angewendet.

Die Beurteilungsgrundlage für den Nachweis von Noroviren wurde 2025 aktualisiert. Aufgrund ähnlicher Eigenschaften von Noroviren und Hepatitis A-Viren im Hinblick auf die Tenazität, das Vorkommen und die Übertragungsrouten wurde die Beurteilungsgrundlage um die Beurteilung von Hepatitis A-Virus-Nachweisen ergänzt.

Im Vortrag wird der vom Bund-Länder-Sachverständigen-Gremium ALTS abgestimmte Beschluss zur Beurteilung positiver Noro- bzw. Hepatitis A-Viren-Nachweise in Lebensmitteln und Umgebungsproben vorgestellt, welcher auf der 95. ALTS-Arbeitstagung im Juni 2025 präsentiert wurde.

Zudem soll der Vortrag einen Überblick über die Beurteilungsvorschläge von positiven Hepatitis E-Virus-Nachweisen in Lebensmitteln geben. Untersuchungen des Bundesinstituts für Risikobewertung (BfR) und anderer Forschungseinrichtungen zeigen, dass Hausschweine in deutschen Beständen und Wildschweine ein wichtiges Reservoir für Hepatitis E-Viren (HEV) darstellen. Bei Menschen kann es über den Kontakt mit infizierten Tieren oder den Verzehr daraus hergestellter roher Lebensmittel zu einer Infektion mit HEV kommen und es besteht das Risiko einer Leberentzündung (Hepatitis)^{b)}.

Die Beurteilungsvorschläge für den Nachweis von Hepatitis E-Viren in Lebensmitteln wurden dem ALTS im Juni 2024 auf der 93. Arbeitstagung zur Kenntnisnahme vorgestellt und sollen im Rahmen des Vortrages präsentiert werden.

- a) Noroviren – Infektionsquellen erkennen und vermeiden, BfR, 05.09.2024;
www.infektionsschutz.de/erregersteckbriefe/hepatitis-a, 03.2024
- b) Hepatitis E-Virus: Übertragung durch Haus- und Wildschweine und daraus gewonnene Lebensmittel vermeiden, BfR FAQ, 03.03.2025

2.11 Testung und Effizienz von Desinfektionsmitteln gegen Noroviren

Maren Eggers

Labor Prof. Gisela Enders MVZ GbR

Noroviren stellen eine signifikante Ursache für gastrointestinale Ausbrüche dar, die durch Lebensmittel übertragen werden. Aufgrund ihrer hohen Umweltstabilität und geringen Infektionsdosis spielt die Auswahl wirksamer Desinfektionsmittel in der Lebensmittelhygiene eine entscheidende Rolle.

Die Effizienz von Desinfektionsmitteln gegen Noroviren wurde bislang im Rahmen eines quantitativen Suspensionstests (DVV/RKI-Leitlinie 2015, EN 14476:2019) mit dem Murinen Norovirus ermittelt. Neben Untersuchungen auf Keimträgern, die nach EN 16777:2019 oder der DVV-Leitlinie 2012 durchgeführt werden, finden nun auch Untersuchungen auf den Händen von Probanden, die gemäß EN 17430:2024 vorgenommen werden, Anwendung. Die Untersuchungsergebnisse deuten darauf hin, dass Suspensionstests die Wirksamkeit unter Laborbedingungen tendenziell adäquat abbilden, während praxisnahe Modelle realitätsnähere Aussagen u.a. für den Lebensmittelbereich generieren.

In diesem Zusammenhang ist die Relevanz von geprüften Produkten innerhalb von Hygienekonzepten im Kontext von Lebensmittelverarbeitungsprozessen evident. Dies gilt insbesondere unter Berücksichtigung von praxisorientierten Testverfahren.

2.12 Wenn Alkohol nicht reicht: Zur Stabilität von Hepatitis A und Hepatitis E Viren

Daniel Todt

Translational and Computational Infection Research, Ruhr-Universität Bochum

Hepatitis A- (HAV) und Hepatitis E-Viren (HEV) zählen weltweit zu den häufigsten Ursachen akuter viraler Hepatitiden und werden primär fäkal-oral übertragen. Trotz ihrer hohen Relevanz in der öffentlichen Gesundheit ist bislang nur begrenzt bekannt, wie stabil diese Viren auf Oberflächen sind und wie wirksam gängige Desinfektionsmittel gegen sie wirken.

In mehreren Studien wurde die Überlebensdauer beider Viren auf Edelstahlträgern untersucht sowie ihre Empfindlichkeit gegenüber verschiedenen handelsüblichen Hände- und Flächendesinfektionsmitteln getestet.

Dabei zeigte sich, dass sowohl HAV als auch HEV eine bemerkenswerte Stabilität auf Oberflächen aufweisen und gegenüber vielen alkoholbasierten Desinfektionsmitteln resistent sind. Nur wenige Produkte, insbesondere solche auf Basis von Aldehyden oder mit Zusätzen wie Phosphorsäure, erzielten eine ausreichende viruzide Wirkung.

Diese Ergebnisse unterstreichen die Notwendigkeit spezifischer, evidenzbasierter Hygienerichtlinien zur effektiven Unterbrechung von HAV- und HEV-Übertragungswegen in klinischen und öffentlichen Bereichen.

2.13 Stabilität und Inaktivierung von HEV bei der Herstellung von Fleischprodukten

Katja Schilling-Loeffler, Dirk Meyer, Felix Reich, Reimar Johne

Bundesinstitut für Risikobewertung, Abteilung für biologische Sicherheit, Fachgruppe Viren in Lebensmitteln

Das Hepatitis E-Virus (HEV) ist mit etwa 4.500 gemeldeten Fällen pro Jahr in Deutschland ein wichtiger Erreger von akuten und chronischen Hepatitiden. Besonders bei Patienten mit Lebervorschädigung und bei Immungeschwächten wie Transplantationspatienten kommen auch schwere Erkrankungsverläufe vor. Während der Verzehr von Fleischprodukten vom Schwein als Hauptübertragungsweg für HEV in Deutschland gilt, bleibt bisher unklar, welche Produktarten genau als Risikoprodukte angesehen werden müssen. Zwar wurde in verschiedenen Produkten aus dem Handel HEV-RNA nachgewiesen, jedoch war nicht bekannt, ob auch infektiöses Virus enthalten ist oder ob dieses durch den Herstellungsprozess inaktiviert worden war. Deshalb sollten hier experimentelle Studien zur Stabilität von HEV während der Herstellung zweier in Deutschland typischer Fleischprodukte – streichfähige Leberwurst und Salami – durchgeführt werden.

Für die Untersuchungen wurde ein Zellkultur-adaptierter HEV-Stamm zur Kontamination von Wurstbrät verwendet, die Wurst nach einem üblichen Rezept unter Laborbedingungen hergestellt und anschließend sowohl die Infektiosität als auch die Virus-RNA-Menge im Endprodukt bestimmt. Es konnte hierbei gezeigt werden, dass der Erhitzungsschritt bei der Leberwurst-Herstellung zu einer vollständigen Virusinaktivierung ($>4,3$ log Reduktion) führte, während sich die Virus-RNA-Menge kaum änderte. Im Gegensatz dazu war infektiöses Virus auch nach drei Wochen Reifung der Salami noch in hoher Menge ($<1,3$ log Reduktion) nachweisbar.

Die Ergebnisse zeigen, dass das vorgesehene Erhitzungsregime für Leberwurst ausreichend ist, um HEV während des Herstellungsprozesses sicher zu inaktivieren. Dem gegenüber muss bei Salami-ähnlicher Rohwurst mit dem Vorhandensein von infektiösem Virus gerechnet werden, wenn zu deren Herstellung Material mit hohen HEV-Mengen verwendet wurde. Deshalb sollte unter anderem auf die Verwendung von Zwerchfell-Muskulatur bei der Rohwurst-Herstellung verzichtet werden, weil diese oft Reste von Leber enthält, die ein hohes Risiko für HEV-Kontaminationen hat. Besonders Personengruppen mit einer hohen Empfindlichkeit gegenüber schweren Verläufen einer HEV-Infektion sollten keine Rohwürste mit Schweinefleisch-Anteilen verzehren.

3 Verzeichnis der Autorinnen und Autoren

Althof, Nadine	14	Langer, Anouk	12
Bakos, Anna.....	12	Meyer, Dirk	18
Beer, Martin	6	Niendorf, Sandra.....	7
Eggers, Maren	16	Panajotov, Jessica	10, 13
Enkelmann, Julia.....	7	Pfennig, Juliane	15
Erl, Monika	12	Reich, Felix.....	18
Faber, Mirko.....	7	Schemmerer, Mathias.....	12
Falkenhagen, Alexander	10	Schilling-Loeffler, Katja	18
Heim, Albert	8	Todt, Daniel	17
Johne, Reimar.....	9, 10, 13, 14, 18	Trojnar, Eva.....	14
Kallies, René	11	Wenzel, Jürgen	12

Impressum

BfR Abstract

6. BfR-Symposium Lebensmittelasoziierte Viren

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

Herausgeber:

Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR)

Max-Dohrn-Straße 8-10

10589 Berlin

T +49 30 18412-0

F +49 30 18412-99099

bfr@bfr.bund.de

bfr.bund.de

Anstalt des öffentlichen Rechts

Vertreten durch den Präsidenten Professor Dr. Dr. Dr. h. c. Andreas Hensel

Aufsichtsbehörde: Bundesministerium für Landwirtschaft, Ernährung und Heimat

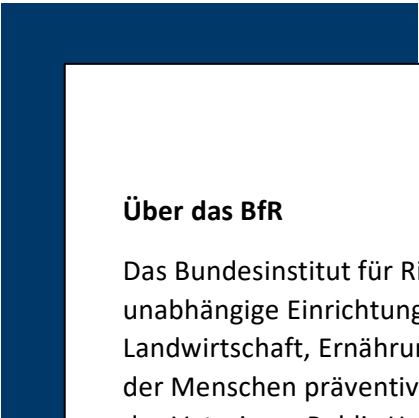
USt-IdNr: DE 165893448

Berlin 2025

21 Seiten



BfR | Risiken erkennen –
Gesundheit schützen



Über das BfR

Das Bundesinstitut für Risikobewertung (BfR) ist eine wissenschaftlich unabhängige Einrichtung im Geschäftsbereich des Bundesministeriums für Landwirtschaft, Ernährung und Heimat (BMLEH). Es schützt die Gesundheit der Menschen präventiv in den Tätigkeitsbereichen des Public Health und des Veterinary Public Health. Das BfR berät die Bundesregierung und die Bundesländer zu Fragen der Lebens- und Futtermittel-, Chemikalien- und Produktsicherheit. Das BfR betreibt eigene Forschung zu Themen, die in engem Zusammenhang mit seinen Bewertungsaufgaben stehen.