

6 Schlussfolgerungen

6.1 Vorkommen von *Campylobacter* spp. bei Masthähnchen

6.1.1 Prävalenz

6.1.1.1 Vorkommen von *Campylobacter* spp. in drei Schlachthöfen

Die *Campylobacter*- Prävalenz bei Masthähnchen lag mit 44% im europäischen Mittelfeld. Masthähnchen stellen damit ein mögliches natürliches Reservoir für humane Infektionen mit *Campylobacter* spp. dar.

In den Schlachtbetrieben wurden verschieden hohe *Campylobacter*- Prävalenzen festgestellt. Dies ist wahrscheinlich auf ein unterschiedliches Schlachtmanagement zurückzuführen.

C. jejuni war mit 77% die vorherrschende Spezies, gefolgt von *C. coli* mit 23%.

In einem Schlachtbetrieb wurde ein höherer *C. coli*- Anteil detektiert. Ursachen hierfür könnten längere Mastzeiten oder andere Infektionsmöglichkeiten sein.

6.1.1.2 Jahresüberblick

Im Vorkommen von *Campylobacter* spp. in den Masthähnchenherden war eine jahreszeitliche Schwankung mit einem verstärkten Auftreten vor allem in den warmen Monaten zu verzeichnen. Ursachen für diese Saisonalität werden in den sich jahreszeitlich ändernden Umweltfaktoren (Lufttemperatur, UV-Strahlung, Luftfeuchtigkeit), die das Überleben von *Campylobacter* spp. in der Außenwelt beeinflussen, gesehen.

6.1.1.3 Einfluss des Tialters auf den *Campylobacter*- Status

Ein Zusammenhang zwischen Schlachtalter und *Campylobacter*- Status der Masthähnchenherde konnte nicht erkannt werden. Dies zeigt, dass ein steigendes Schlachtalter nicht zwangsläufig mit einer höheren *Campylobacter*- Prävalenz einhergeht und es möglich ist, *Campylobacter* spp. bis zum Ende der Mast von der Herde fernzuhalten.

6.1.2 Innerherdenprävalenz

In den *Campylobacter*- positiven Masthähnchenherden wurden unterschiedliche Innerherdenprävalenzen ermittelt. Bei 33% der Herden waren alle zehn Blinddarmpaare *Campylobacter*- positiv (100%). Die anderen Herden wiesen Innerherdenprävalenzen von 10% bis 90% auf. Hohe Innerherdenprävalenzen

sprechen für einen frühen Eintrag von *Campylobacter* spp. in die Herde und/oder ein hohes Kolonisationsvermögen des Stammes. Niedrige Innerherdenprävalenzen deuten auf einen späten Infektionszeitpunkt vor der Schlachtung und/oder eine geringe Kolonisationsfähigkeit des Stammes.

Während in den *Campylobacter*- positiven Herden aus konventionellen und Louisiana-Ställen überwiegend *C. jejuni* gefunden wurde, wiesen die Herden aus Freiland- und biologischer Haltung vor allem *C. coli* auf. Verschiedene Infektionsquellen, ein steigendes Schlachtalter und verschiedene *Campylobacter*- Stämme können zu einer unterschiedlichen Präsenz der *Campylobacter*- Spezies führen.

6.1.3 Vergleich der Einzel- und Poolprobenergebnisse

Durch Untersuchung von Poolproben wurden 93% der durch Einzeluntersuchung als *Campylobacter*- positiv befundenen Herden erkannt. Der Anteil an falsch- negativen Ergebnissen ist jedoch durch den geringeren Material- und Zeitaufwand tolerierbar.

6.1.4 Ergebnisse der fortlaufenden Untersuchung ausgewählter Masthähnchenställe

Campylobacter- positive Herden in aufeinander folgenden Durchgängen könnten auf eine Persistenz des Erregers im Stall durch unzureichende Reinigung und Desinfektion oder in der Umwelt und fehlenden Hygienebarrieren zurückzuführen sein. Das Vorkommen von *Campylobacter*- negativen nach *Campylobacter*- positiven Herden zeigt, dass eine Übertragung von einer Herde auf die folgende z. B. durch eine gute Reinigung und Desinfektion des Stalles vermieden werden kann.

Bei der Betrachtung von zwei Ställen einer Anlage kam es vor, dass in beiden Ställen oder nur in einem Stall zum gleichen Zeitpunkt *Campylobacter*- positive Herden identifiziert wurden. Dies macht eine vertikale Übertragung unwahrscheinlich, und zeigt, dass *Campylobacter* spp. von anderen Ställen ferngehalten werden können, selbst wenn ein Stall derselben Farm positiv ist.

Das Vorkommen von verschiedenen *Campylobacter*- Spezies in einer Herde und in aufeinander folgenden Herden eines Stalles deutet auf verschiedene Infektionsquellen und beschreibt die Dynamik der Kolonisation, die sowohl vom Stamm als auch vom Wirt abhängt.

6.2 Multiplex- PCR

Der Vergleich der biochemischen Ergebnisse mit den Resultaten aus der Multiplex-PCR zeigte eine 100%ige Übereinstimmung. Beide Methoden sind also gleichwertig in der Speziesidentifizierung.

6.3 Antibiotika- Resistenz

Das Feststellen von Antibiotika- Resistenzen bei *Campylobacter*- Isolaten von Mastgeflügel zeigt das Bestehen eines Reservoirs, von dem eine Gefahr für den Menschen durch Transfer der Resistenzen auf andere Pathogene und durch Infektionen mit resistenten *Campylobacter*- Isolaten ausgehen kann.

6.4 Genotypisierung ausgewählter *Campylobacter*- Isolate mittels AFLP

6.4.1 Poolproben

Es wurden 35 Cluster für 61 *C. jejuni*- Isolate und 11 Cluster für 18 *C. coli*- Isolate identifiziert. Dies zeigt die genetische Diversität von *Campylobacter*- Isolaten bei Mastgeflügel.

Das Vorkommen von AFLP- Genotypen identischer Cluster in verschiedenen Mastanlagen derselben Geflügelschlachtfirma deutet auf das Bestehen von identischen Infektionsquellen innerhalb der Geflügelschlachtfirma, wie z.B. Futtermittellieferanten, Transportfuhrpark incl. Fängertruppe und Transportkisten sowie Tierärzte und Produktionsleiter.

Das Vorkommen von AFLP- Genotypen identischer Cluster in verschiedenen Herden zu unterschiedlichen Zeitpunkten verdeutlicht die genetische Stabilität der Stämme in Raum und Zeit bei bestimmten Umweltbedingungen.

6.4.2 Einzelproben von wiederkehrend *Campylobacter*- positiven Masthähnchenherden

Die AFLP- Analyse ergab, dass einzelne Herden mit AFLP- Genotypen von nur einem Cluster infiziert waren, die Mehrzahl der Herden jedoch AFLP- Genotypen mehrerer Cluster beherbergte, wobei oft ein Cluster vorherrschend war. Zusätzlich konnten bei einzelnen Herden in wiederkehrend positiven Durchgängen derselben Stalleinheit AFLP- Genotypen identischer Cluster isoliert werden. Dominierende und wiederkehrende Genotypen verdeutlichen das Vorkommen von persistierenden Infektionsquellen in der Umwelt und machen eine Rückverfolgung bis an den

Ausgangspunkt und eine Bekämpfung möglich. Die Kolonisation mit sporadischen Isolaten kam ebenfalls vor, eine Bekämpfung dieser gestaltet sich jedoch aufgrund ihrer verschiedenen Infektionsquellen schwieriger.

6.5 Mästeraudit

Anhand der Fragebogenaktion konnten drei Einflussfaktoren für eine *Campylobacter*-Belastung von Masthähnchenherden erkannt werden.

Masthähnchenherden aus Freiland- und biologischer Haltung waren im Winterhalbjahr signifikant häufiger *Campylobacter*- positiv als Herden aus konventioneller Haltung und aus Louisiana- Ställen.

Die Herdengröße war im Winterhalbjahr als auch bei der Ganzjahresbetrachtung streng assoziiert mit *Campylobacter*- Infektionen, wobei vor allem Herden mit einer Tierzahl bis zu 15.000 und über 25.000 betroffen waren.

In Ställen, die Nippeltränken mit Auffangschale hatten, waren die Herden im Winterhalbjahr signifikant häufiger mit *Campylobacter* spp. infiziert als Herden, bei denen die Wasserversorgung durch Nippeltränken ohne Auffangschale erfolgte.