

4 Ergebnisse

4.1 Vorkommen von *Campylobacter* spp. bei Masthähnchen

4.1.1 Prävalenz

4.1.1.1 Vorkommen von *Campylobacter* spp. in drei Schlachthöfen

Die Abbildung 7 zeigt den Anteil der mit *Campylobacter* spp. belasteten Herden und die Verteilung der *Campylobacter*- Spezies in den drei Schlachthöfen A, B und C. Von den als Poolproben untersuchten Herden waren 44% (79/181) *Campylobacter*- positiv. In den Schlachtbetrieben A, B bzw. C, in denen ausschließlich Masthähnchen aus konventionellen und Louisiana- Ställen geschlachtet wurden, waren 41%, 23% bzw. 59% der untersuchten Herden *Campylobacter*- positiv. Die Unterschiede waren mit einem p- Wert < 0,001 signifikant. Dabei war *C. jejuni* mit 77% die vorherrschende Spezies, gefolgt von *C. coli* mit 23%. Der Vergleich der Speziesverteilung in den verschiedenen Schlachthöfen zeigte, dass im Schlachtbetrieb A der *C. coli*- Anteil mit 40% höher war als in den Schlachthöfen B und C in denen nur 25% und 15% der *Campylobacter*- positiven Herden *C. coli* aufwiesen.

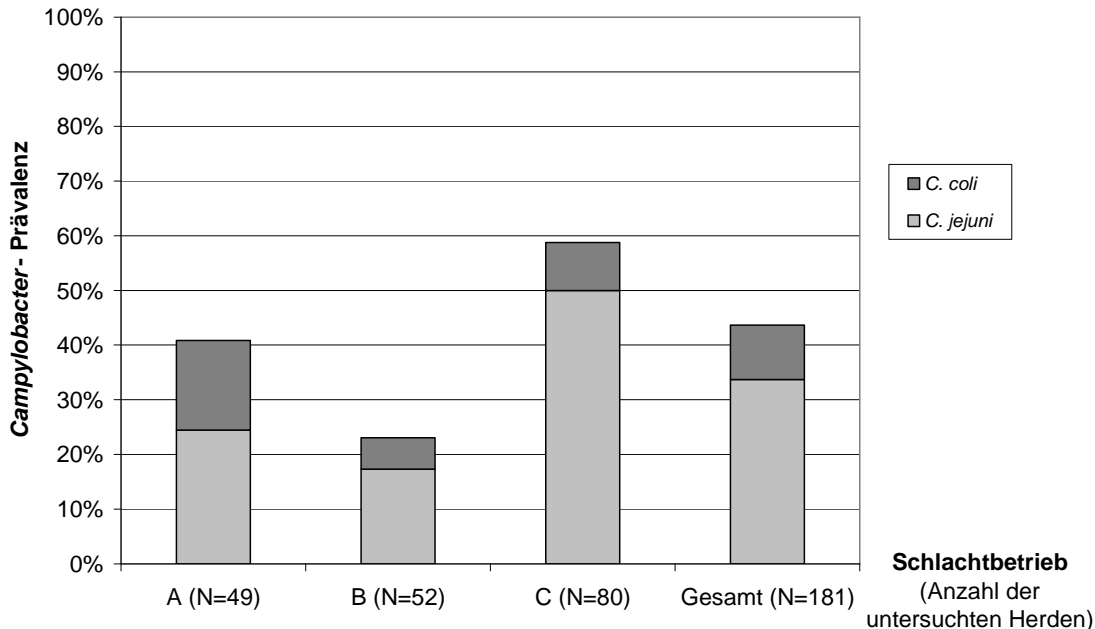


Abb. 7: Anteil der *Campylobacter*- positiven Herden und Verteilung der *Campylobacter*- Spezies in drei Schlachthöfen (A, B,C) von Mai 2004 bis Juli 2005

4.1.1.2 Jahresüberblick

In Abbildung 8 ist der Anteil der *Campylobacter*- positiven Herden in den jeweiligen Monaten von Mai 2004 bis Juli 2005 ersichtlich. Dabei war eine jahreszeitliche Schwankung im Vorkommen von *Campylobacter* spp. in den Masthähnchenherden zu verzeichnen, mit einem Anstieg von Juli 2004 bis September 2004 und einem zweiten Maximum im November 2004. Im März waren *Campylobacter* spp. in den untersuchten Masthähnchenherden nicht nachzuweisen. Im Jahr 2005 war ab Mai wieder ein Anstieg der *Campylobacter*- Prävalenz zu erkennen.

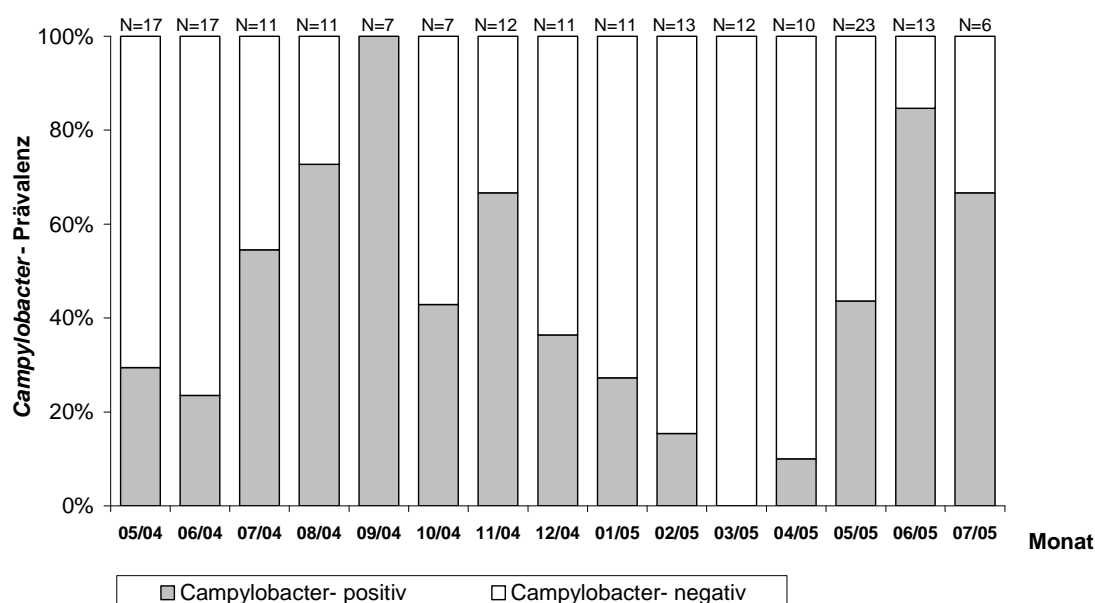


Abb. 8: Vorkommen von *Campylobacter* spp. in deutschen Masthähnchenherden von Mai 2004 bis Juli 2005

Tabelle 15 zeigt die *Campylobacter*- Befunde in den verschiedenen Halbjahren (Sommerhalbjahr: Mai bis Oktober; Winterhalbjahr: November bis April). Dabei traten im Sommerhalbjahr signifikant höhere Prävalenzraten auf als im Winterhalbjahr ($p < 0,001$).

		<i>Campylobacter</i>- Befund der Poolprobe	
Zeitraum		negativ	positiv
Sommerhalbjahr	absolut	51	61
	relativ	46%	54%
Winterhalbjahr	absolut	51	18
	relativ	74%	26%

Tab. 15: *Campylobacter*- Befunde im Sommer- und Winterhalbjahr

4.1.1.3 Einfluss des Tieralters auf den *Campylobacter*- Status

Ein Zusammenhang zwischen Schlachtagalter und *Campylobacter*- Status der Herde konnte in dieser Arbeit nicht erkannt werden (Abb. 9).

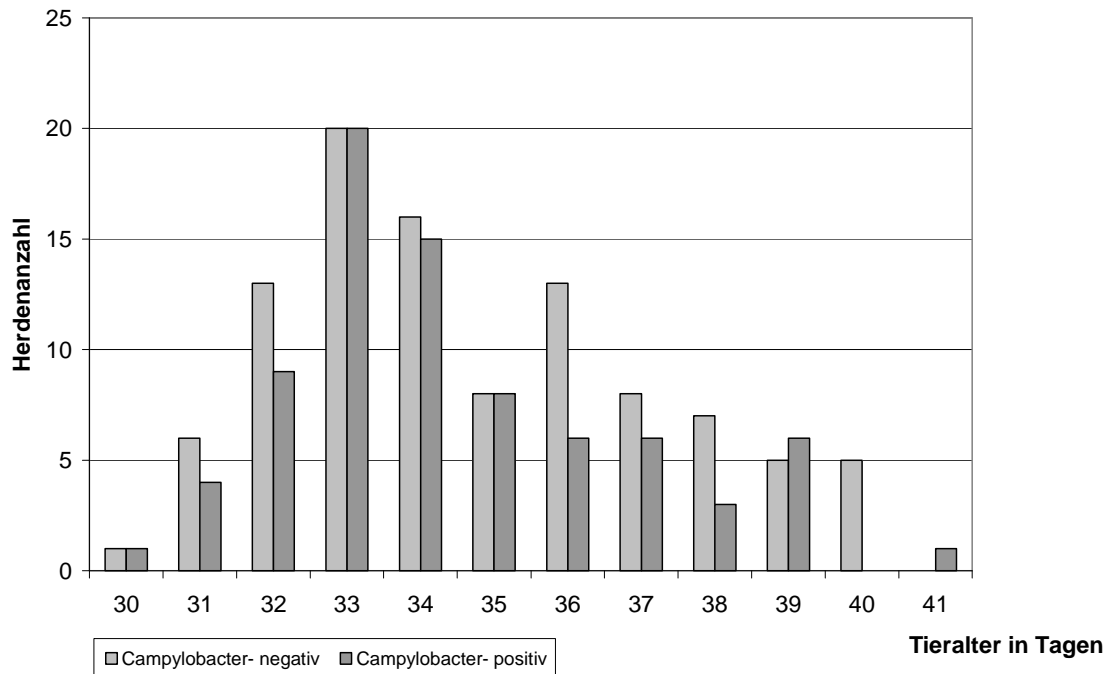


Abb. 9: Anzahl der *Campylobacter*- positiven und -negativen Herden in Bezug zum Tieralter

4.1.2 Innerherdenprävalenz

Die Innerherdenprävalenzen (positive Blinddarmpaare von 10 untersuchten Blinddarmpaaren) der Masthähnchenherden sind in Abbildung 10 dargestellt. Bei den *Campylobacter*- positiven Herden waren bei der Einzeluntersuchung bis zu 10 der untersuchten Blinddarmpaare positiv, wobei 33% (35/106) der Herden einen Befund von 10 positiven Blinddarmpaaren aufwies. *C. coli*, alleine oder in Kombination mit *C. jejuni*, wurde überwiegend in Herden mit hohen Innerherdenprävalenzen vorgefunden. *C. jejuni* trat dagegen gleichmäßig in allen Prävalenzgruppen auf.

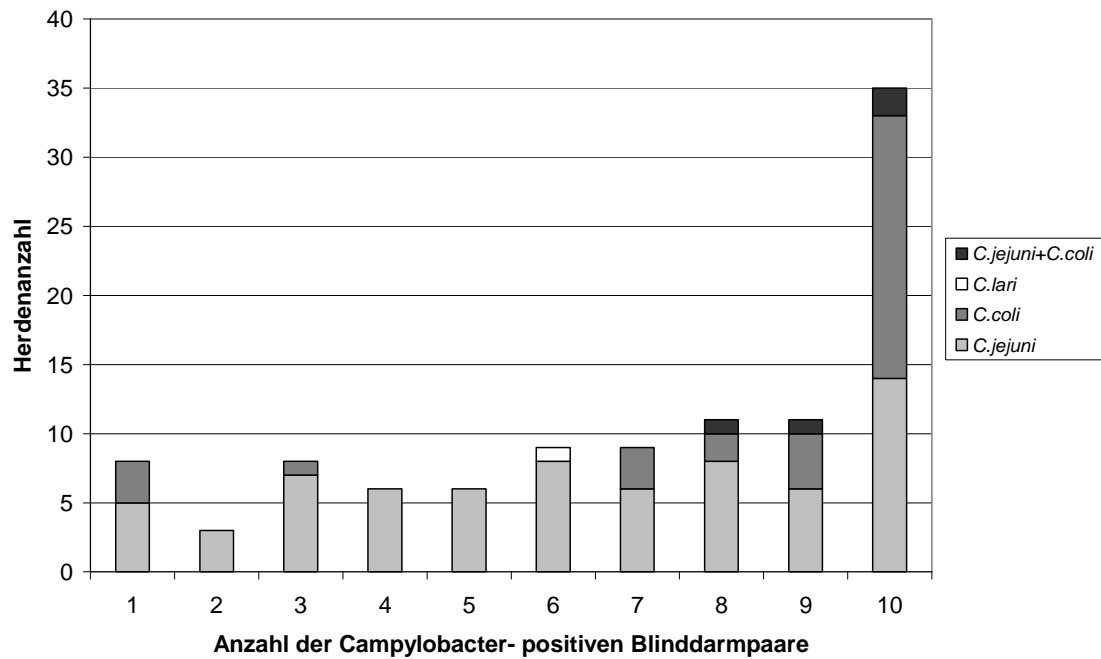


Abb. 10: Anzahl der positiven Blinddarmaare von 10 untersuchten Blinddarmaaren aufgeschlüsselt nach *Campylobacter*- Spezies

65% (69/106) bzw. 30% (32/106) der *Campylobacter*- positiven Herden waren mit *C. jejuni* bzw. *C. coli* infiziert. Eine Herde (1%) beherbergte *C. lari*, und 4 Herden (4%) enthielten sowohl *C. jejuni* als auch *C. coli*. Dabei fiel auf, dass in den *Campylobacter*-positiven Herden aus konventionellen und Louisiana- Ställen überwiegend *C. jejuni* (83% und 64%) gefunden wurde, während die Herden aus Freilandhaltung und biologischer Haltung vor allem *C. coli* (65% und 78%) aufwiesen. *C. lari* kam nur in einer konventionellen Herde vor. Mischinfektionen mit *C. jejuni* und *C. coli* wurden in je einer konventionellen und einer biologischen Herde sowie in zwei Freilandherden vorgefunden (Tab. 16).

Spezies		Haltungsform			
		Konventionell	Louisiana	Freiland	Biologisch
<i>C. jejuni</i>	absolut	57	7	4	1
	relativ	83%	64%	24%	11%
<i>C. coli</i>	absolut	10	4	11	7
	relativ	14%	36%	65%	78%
<i>C. lari</i>	absolut	1	0	0	0
	relativ	1%	0%	0%	0%
<i>C. jejuni+C. coli</i>	absolut	1	0	2	1
	relativ	1%	0%	12%	11%

Tab. 16: Verteilung der *Campylobacter*- Spezies nach Haltungsform

4.1.3 Vergleich der Einzel- und Poolprobenergebnisse

Tabelle 17 stellt die Ergebnisse der Einzel- und Poolproben gegenüber. Mit der Einzelbeprobung konnten 4 von 81 *Campylobacter*- negativen Poolproben als falsch-negativ identifiziert werden. Bei zwei falsch-negativen Poolproben war je ein Blinddarmpaar in der Einzelbeprobung *Campylobacter*- positiv. Bei den anderen zwei falsch-negativen Poolproben ergaben sich in der Einzelbeprobung Befunde von je zwei *Campylobacter*- positiven Blinddarmpaaren. Somit wurden durch Untersuchung von Poolproben 93% der durch Einzeluntersuchung als *Campylobacter*- positiv befundenen Herden erkannt.

		Einzelprobe		Gesamt
		negativ	positiv	
Poolprobe	negativ	77	4	81
	positiv	0	51	51
Gesamt		77	55	132

Tab. 17: Vergleich der Einzel- und Poolprobenergebnisse

4.1.4 Ergebnisse der fortlaufenden Untersuchung ausgewählter Masthähnchenställe

Wie aus Tabelle 18 ersichtlich, gab es sowohl Stallungen, in denen jede neue Herde zum Zeitpunkt der Schlachtung *Campylobacter*- positiv war, als auch Ställe, bei denen nur einzelne Herden mit *Campylobacter* spp. zum Zeitpunkt der Schlachtung belastet waren. Bei der Betrachtung von zwei Ställen einer Anlage kam es vor, dass beide Ställe oder nur ein Stall *Campylobacter*- positive Herden beherbergte.

Haltungsform Anlage Stall Monat.Jahr	Konventionell									Louisiana			Feiland			Biologisch										
	A	I	B	C	II	D	III	F	IV	G	H	V	I	VI	J	VII	K	VIII	L	IX	M	N	X	O	XI	P
05.04									4 (j)								10 (c)							10 (c)		
06.04	6 (j)		5 (j)				8 (jc)				10 (c)	10 (c)	1 (j)											10 (c)		
07.04															9 (c)									3 (c)		
08.04	9 (j)		3 (j)				4 (j)	6 (j)			8 (j)	6 (j)	4 (j)			10 (jc)						9 (c)				
09.04	8 (j)		6 (j)		3 (j)						10 (c)	9 (c)			6 (j)											
10.04							9 (j)									8 (c)										
11.04							8 (j)							8 (j)				10 (jc)	10 (c)							
12.04							10 (j)							7 (j)			7 (c)									
01.05							10 (j)													1 (c)	10 (c)					
02.05							2 (j)										8 (c)									
03.05																										
04.05							7 (j)							4 (j)										1 (j)		

C. - negative Herde
 C.- positive Herde; Anzahl der positiven Tiere von 10 Tieren (j, *C. jejuni*; c, *C. coli*; jc, *C. jejuni* + *C.coli*)

Tab. 18: Ergebnisse der fortlaufenden Untersuchungen in ausgewählten Masthähnchenställen (I-XI, Anlage I bis XI; A-P, Stall A bis P)

Bei Anlage I waren die Herden der Ställe A und B im Juni, August und September 2004 *Campylobacter*- positiv. In den anderen Durchgängen konnte in keiner Herde *Campylobacter* spp. nachgewiesen werden.

Auf der Anlage II war die Herde im Stall C im September 2004 *Campylobacter*- positiv, während die Herde von Stall D *Campylobacter*- negativ war. Im Dezember 2004 hingegen war die Herde des Stalles D *Campylobacter*- positiv und die Herde im Stall C *Campylobacter*- negativ. In den anderen Herden konnten *Campylobacter* spp. nicht nachgewiesen werden.

Im Stall E waren alle untersuchten Herden *Campylobacter*- positiv.

Die Herde im Stall F war im August 2004 *Campylobacter*- positiv, wohingegen die Herde des Stalles G derselben Anlage *Campylobacter*- negativ war. Stall G wies nur im Mai 2004 eine *Campylobacter*- positive Herde auf und war in allen anderen Durchgängen *Campylobacter*- negativ. Im Stall F waren alle anderen untersuchten Herden ebenfalls nicht mit *Campylobacter* spp. belastet.

Die Ställe H und I der Anlage V beherbergten im Juni, August und September 2004 *Campylobacter*- positive Herden. In den anderen Durchgängen waren *Campylobacter* spp. nicht nachzuweisen.

Der Stall J hatte im Juni, August, November, Dezember 2004 und April 2005 *Campylobacter*- positive Herden. Nur der Durchgang im Februar 2005 war *Campylobacter*- negativ.

Im Stall K waren die Herden im Juli und September 2004 mit *Campylobacter* spp. belastet, während die anderen Durchgänge *Campylobacter*- negativ waren.

Alle untersuchten Herden des Stalles L waren *Campylobacter*- positiv.

Von den drei untersuchten Herden des Stalles M waren zwei *Campylobacter*- positiv, die dritte *Campylobacter*- negativ.

Bei Stall N waren die Herden im August und November 2004 sowie im Januar und April 2005 *Campylobacter*- positiv, die Herde im März 2005 war jedoch *Campylobacter*- negativ. Der Stall O derselben Anlage hatte *Campylobacter*- positive Herden im Mai und Juli 2004, während in den Herden im Oktober und Dezember 2004 *Campylobacter* spp. nicht nachzuweisen waren.

Der Stall P beherbergte im Juni 2004 eine *Campylobacter*- positive Herde. Die weiteren untersuchten Herden waren *Campylobacter*- negativ.

In den Ställen A, B, C, D, F, G und J war in allen *Campylobacter*- positiven Herden *C. jejuni* nachzuweisen. In den Ställen O und P war in allen *Campylobacter*- positiven Herden *C. coli* vorzufinden. Im Stall E beherbergte die erste *Campylobacter*- positive Herde *C. jejuni* und *C. coli*, die anderen Herden *C. jejuni*. In je einer Herde der Ställe L und M waren *C. jejuni* und *C. coli* vorhanden, die anderen Herden wiesen nur *C. coli* auf. In den Ställen H, I, K und N kamen Herden vor, die entweder *C. jejuni*- oder *C. coli*- positiv waren.

4.2 Multiplex- PCR

Von den insgesamt 825 *Campylobacter*- Isolaten wurden 504 als *C. jejuni*, 315 als *C. coli* und 6 als *C. lari* identifiziert. Dabei zeigte der Vergleich der biochemischen Ergebnisse mit den Resultaten aus der PCR eine 100%ige Übereinstimmung.

4.3 Antibiotika- Resistenz- Testung

4.3.1 Übersicht

Tabelle 19 gibt einen Überblick über das Resistenzverhalten der 79 *Campylobacter*-Poolproben- Isolate gegen acht Antibiotika (-Kombinationen), und Tabelle 20 zeigt die Verteilung der MHK- Werte bei den acht ausgewählten Antibiotika (-Kombinationen).

Antibiotikum	Gesamt	Resistent		Sensibel		
		absolut	relativ	absolut	relativ	
Ampicillin						
<i>C. jejuni</i>	61	19	31%	42	69%	
<i>C. coli</i>	18	5	28%	13	72%	
Summe	79	24	30%	55	70%	
Ampicillin/Sulbactam 2:1 ratio						
<i>C. jejuni</i>	61	5	8%	56	92%	
<i>C. coli</i>	18	5	28%	13	72%	
Summe	79	10	13%	69	87%	
Ceftazidim						
<i>C. jejuni</i>	61	5	8%	56	92%	
<i>C. coli</i>	18	3	17%	15	83%	
Summe	79	8	10%	71	90%	
Ciprofloxacin						
<i>C. jejuni</i>	61	24	39%	37	61%	
<i>C. coli</i>	18	8	44%	10	56%	
Summe	79	32	41%	47	59%	
Erythromycin						
<i>C. jejuni</i>	61	0	0%	61	100%	
<i>C. coli</i>	18	5	28%	13	72%	
Summe	79	5	6%	74	94%	
Gentamicin						
<i>C. jejuni</i>	61	0	0%	61	100%	
<i>C. coli</i>	18	0	0%	18	100%	
Summe	79	0	0%	79	100%	
Nalidixinsäure						
<i>C. jejuni</i>	61	24	39%	37	61%	
<i>C. coli</i>	18	8	44%	10	56%	
Summe	79	32	41%	47	59%	
Tetrazyklin						
<i>C. jejuni</i>	61	18	30%	43	70%	
<i>C. coli</i>	18	6	33%	12	67%	
Summe	79	24	30%	55	70%	

Tab. 19: Resistenzverhalten von *C. jejuni* und *C. coli* gegen acht Antibiotika (Antibiotika- Kombinationen)

Antibiotikum	Verteilung der MHK- Werte												
	0,125	0,25	0,5	1	2	4	8	16	32	64	128	256	> 256
Ampicillin													
<i>C. jejuni</i> (abs.)		1	1	11	7	13	7	2	4	8		2	5
in %		2	2	18	11	21	11	3	7	13		3	8
<i>C. coli</i> (abs.)				2	3	4	2	2		1	4		
in %				11	17	22	11	11		6	22		
Summe (abs.)		1	1	13	10	17	9	4	4	9	4	2	5
in %		1	1	16	13	22	11	5	5	11	5	3	6
Ampicillin/Sulbactam 2:1													
<i>C. jejuni</i> (abs.)			2	11	9	15	7	12	4	1			
in %			3	18	15	25	11	20	7	2			
<i>C. coli</i> (abs.)				2	4	4	2	1	3	2			
in %				11	22	22	11	6	17	11			
Summe (abs.)			2	13	13	19	9	13	7	3			
in %			3	16	16	24	11	16	9	4			
Ceftazidim													
<i>C. jejuni</i> (abs.)						4	17	35	5				
in %						7	28	57	8				
<i>C. coli</i> (abs.)						1	2	12	1	2			
in %						6	11	67	6	11			
Summe (abs.)						5	19	47	6	2			
in %						6	24	59	8	3			
Ciprofloxacin													
<i>C. jejuni</i> (abs.)	2	10	23	2		2		2	11	3	6		
in %	3	16	38	3		3		3	18	5	10		
<i>C. coli</i> (abs.)	3	4	2	1				3	4	1			
in %	17	22	11	6				17	22	6			
Summe (abs.)	5	14	25	3		2		5	15	4	6		
in %	6	18	32	4		3		6	19	5	8		
Erythromycin													
<i>C. jejuni</i> (abs.)	2	19	23	16	1								
in %	3	31	38	26	2								
<i>C. coli</i> (abs.)	1	2	6	4			2						3
in %	6	11	33	22			11						17
Summe (abs.)	3	21	29	20	1		2						3
in %	4	27	37	25	1		3						4
Gentamicin													
<i>C. jejuni</i> (abs.)	1	10	46	4									
in %	2	16	75	7									
<i>C. coli</i> (abs.)	1	1	12	4									
in %	6	6	67	22									
Summe (abs.)	2	11	58	8									
in %	3	14	73	10									
Nalidixinsäure													
<i>C. jejuni</i> (abs.)				3	16	14	4		5	11	8		
in %				5	26	23	7		8	18	13		
<i>C. coli</i> (abs.)					5	5			3	5			
in %					28	28			17	28			
Summe (abs.)				3	21	19	4		8	16	8		
in %				4	27	24	5		10	20	10		
Tetrazyklin													
<i>C. jejuni</i> (abs.)	32	1	3		1	2	4	4	5	6	3		
in %	52	2	5		2	3	7	7	8	10	5		
<i>C. coli</i> (abs.)	10	2							3	1	2		
in %	56	11							17	6	11		
Summe (abs.)	42	3	3		1	2	4	4	8	7	5		
in %	53	4	4		1	3	5	5	10	9	6		

Tab. 20: Verteilung der MHK- Werte (mg/L) von *C. jejuni* und *C. coli* gegen acht Antibiotika (Antibiotika- Kombinationen); I = Grenzwert

4.3.2 Ampicillin

Von 79 (61 *C. jejuni*, 18 *C. coli*) *Campylobacter*- Isolaten waren 30% (31% bzw. 28%) resistent gegenüber Ampicillin.

Die MHK- Werte reichten bei *C. jejuni* von 0,25 mg/L bis >256 mg/L. Bei *C. coli* lagen sie zwischen 1 mg/L und 128 mg/L.

4.3.3 Ampicillin/Sulbactam 2:1 ratio

Von 79 *Campylobacter*- Isolaten waren 13% resistent gegenüber einer Kombination von Ampicillin mit Sulbactam im Verhältnis 2:1. Dabei zeigten sich signifikante Unterschiede zwischen den *C. jejuni*- und den *C. coli*- Isolaten ($p= 0,043$). So wiesen die *C. jejuni*- Isolate mit 8% eine niedrigere Resistenzrate als die *C. coli*- Isolate mit 28% auf.

Die MHK- Werte betragen für *C. jejuni* und *C. coli* 1 bzw. 0,5 mg/L bis 64 mg/L.

4.3.4 Ceftazidim

Gegen Ceftazidim waren 10% (8% bzw. 17%) der 79 *Campylobacter*- Isolate resistent. Alle Ceftazidim- resistenten Isolate waren dabei auch gegen Ampicillin resistent.

Die MHK- Werte lagen für *C. jejuni* und *C. coli* zwischen 4 mg/L und 32 mg/L bzw. 64 mg/L.

4.3.5 Ciprofloxacin

Von 79 (61 *C. jejuni*, 18 *C. coli*) *Campylobacter*- Isolaten waren 41% (39% bzw. 44%) resistent gegenüber Ciprofloxacin.

Die MHK- Werte lagen für *C. jejuni* und *C. coli* zwischen 0,125 mg/L und >64 mg/L bzw. 64 mg/L.

4.3.6 Erythromycin

Alle 61 *C. jejuni*- Isolate und 13 von 18 *C. coli*- Isolaten waren gegenüber Erythromycin sensibel. Dabei waren die Unterschiede im Resistenzverhalten von *C. jejuni* und *C. coli* signifikant ($p< 0,001$). Bei den fünf Erythromycin- resistenten *C. coli*- Isolaten zeigten zwei Isolate eine low- level- und drei Isolate eine high- level- Resistenz.

Die MHK- Werte betragen bei *C. jejuni* 0,25 mg/L bis 4 mg/L. Bei *C. coli* lagen die MHK- Werte für die sensiblen Isolate zwischen 0,25 mg/L und 2 mg/L. Die low- level- und die high- level- resistenten Isolate hatten MHK- Werte von 8 mg/L bzw. >256 mg/L.

4.3.7 Gentamicin

Alle 79 *Campylobacter*- Isolate waren empfindlich gegenüber Gentamicin.

Die MHK- Werte lagen zwischen 0,25 mg/L und 2 mg/L.

4.3.8 Nalidixinsäure

Gegen Nalidixinsäure waren 41% (39% bzw. 44%) der *Campylobacter*- Isolate resistent. Dabei waren alle Nalidixinsäure- resistenten Isolate auch Ciprofloxacin- resistent.

Die MHK- Werte lagen für *C. jejuni* und *C. coli* zwischen 1 mg/L bzw. 2 mg/L und 128 mg/L bzw. 64 mg/L.

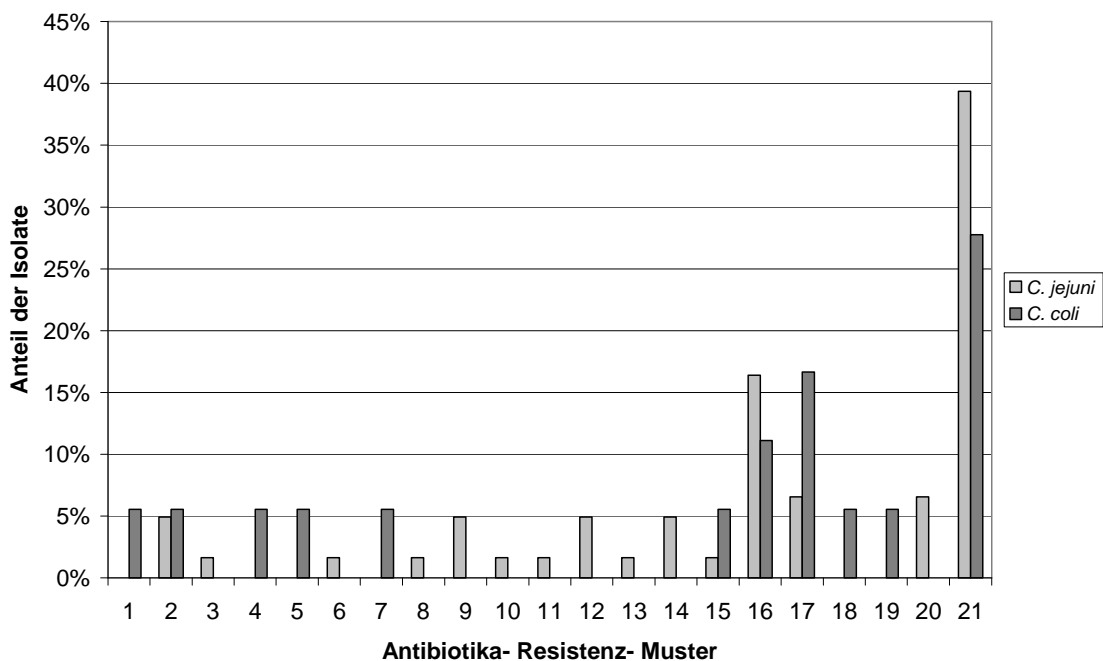
4.3.9 Tetrazyklin

Von den 79 (61 *C. jejuni*, 18 *C. coli*) *Campylobacter*- Isolaten waren 30% (30% bzw. 33%) resistent gegenüber Tetrazyklin.

Die MHK- Werte lagen bei *C. jejuni* zwischen 0,125 mg/L und 128 mg/L. Für *C. coli* betragen sie 0,125 mg/L, 0,25mg/L, 32 mg/L, 64 mg/L und 128 mg/L.

4.3.10 Antibiotika- Resistenz- Muster

Insgesamt ergaben sich 21 Antibiotika- Resistenz- Muster. Dabei waren 37% (29/79) gegenüber allen getesteten Antibiotika (-Kombinationen) empfindlich. Bei den *C. jejuni*-Isolaten waren es 39% (24/61) und bei den *C. coli*-Isolaten 28% (5/18). Die Antibiotika- Muster 1, 4, 5, 7, 18 und 19 wurden nur von *C. coli*-Isolaten repräsentiert, während ausschließlich *C. jejuni*-Isolate die Antibiotika- Muster 3, 6, 8 bis 14 und 20 darstellten. Die Antibiotika- Muster 2, 15, 16, 17 und 21 wurden bei beiden Spezies vorgefunden. Die Abb. 11 gibt den Anteil der Isolate für die jeweiligen Antibiotika- Resistenz- Muster, die durch ihr Resistenzverhalten gegenüber den acht Antibiotika (Antibiotika- Kombinationen) definiert sind, und die Definition der Antibiotika- Resistenz- Muster wieder.



	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
SAM	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent
AMP	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent
QIP	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent
ERY	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent
GEN	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent
NAL	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent
TAZ	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent
TET	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent	resistent

resistent
 sensibel

Abb. 11: Antibiotika- Resistenz- Muster der 79 *Campylobacter*- Isolate (1 bis 21, Antibiotika- Resistenz- Muster)

Bei den 50 resistenten Isolaten waren sowohl Einfach- als auch Mehrfachresistenzen mit Resistenzen gegenüber bis zu sieben der acht Antibiotika (-Kombinationen) vorhanden. Dabei waren 10% (11% bzw. 6%) der *Campylobacter*- Isolate (61 *C. jejuni*, 18 *C. coli*) resistent gegen ein einzelnes Antibiotikum, 23% (23% bzw. 22%) resistent gegen zwei Antibiotika, 16% (13% bzw. 28%) resistent gegen drei Antibiotika, 6% (7% bzw. 6%) resistent gegen vier Antibiotika und 8% (7% bzw. 11%) resistent gegen mehr als vier Antibiotika (Tab. 21).

Resistenzverhalten	Gesamt		<i>C. jejuni</i>		<i>C. coli</i>	
	absolut	relativ	absolut	relativ	absolut	relativ
voll sensibel	29	37%	24	39%	5	28%
resistent gegen 1 AB	8	10%	7	11%	1	6%
resistent gegen 2 AB	18	23%	14	23%	4	22%
resistent gegen 3 AB	13	16%	8	13%	5	28%
resistent gegen 4 AB	5	6%	4	7%	1	6%
resistent gegen >4 AB	6	8%	4	7%	2	11%

Tab. 21: Resistenzverhalten der *Campylobacter*- Isolate

In Tabelle 22 sind häufig vorkommende Resistenzkombinationen aufgeführt. Am häufigsten war die Kreuzresistenz gegenüber Ciprofloxacin und Nalidixinsäure mit 64% (32/50), gefolgt von der Dreifachresistenz gegenüber Ciprofloxacin, Nalidixinsäure und Tetrazyklin mit 32% (16/50). Erwähnenswert sind auch noch die Kreuzresistenz gegenüber Ampicillin und Ampicillin/Sulbactam mit 20% (10/50), die Zweifachresistenz gegen Ampicillin und Tetrazyklin mit 24% (12/50), die Zweifachresistenz gegen Ampicillin und Ceftazidim mit 16% (8/50), die Dreifachresistenz gegenüber Ampicillin, Ciprofloxacin und Nalidixinsäure mit 22% (11/50) sowie die Fünffachresistenz gegenüber Ampicillin, Ampicillin/Sulbactam, Ciprofloxacin, Nalidixinsäure und Tetrazyklin mit 10% (5/50).

Resistenzkombinationen	Gesamt		<i>C. jejuni</i>		<i>C. coli</i>	
	absolut	relativ	absolut	relativ	absolut	relativ
CIP+NAL	32	64%	24	48%	8	16%
CIP+NAL+TET	16	32%	11	22%	5	10%
CIP+NAL+AMP	11	22%	9	18%	2	4%
CIP+NAL+AMP+SAM+TET	5	10%	3	6%	2	4%
AMP+TET	12	24%	10	20%	2	4%
AMP+SAM	10	20%	5	10%	5	10%
AMP+TAZ	8	16%	5	10%	3	6%

Tab. 22: Häufig vorkommende Resistenzkombinationen

4.4 Genotypisierung ausgewählter *Campylobacter*- Isolate mittels AFLP

79 *Campylobacter*- Poolproben- Isolate (61 *C. jejuni*, 18 *C. coli*) und 157 *Campylobacter*- Einzelproben- Isolate (67 *C. jejuni*, 90 *C. coli*) von wiederkehrend *Campylobacter*- positiven Masthähnchenherden wurden mittels der AFLP- Analyse genotypisch feindifferenziert. In den Dendrogrammen der Abbildung 13, der Abbildung 14 und den Anhangsabbildungen 1 bis 8 wurde eine Clusterbildung bei 90% festgelegt. Damit wurden alle Isolate, die mindestens eine 90%ige Ähnlichkeit in den AFLP- Mustern aufwiesen, als eng verwandt betrachtet und als Cluster benannt.

4.4.1 Poolproben

Die Untersuchung der 79 *Campylobacter*- Poolproben- Isolate (61 *C. jejuni*, 18 *C. coli*) mittels AFLP- Analyse ergab insgesamt 46 verschiedene Cluster. Bei *C. jejuni* wurden 35 (JP1 bis JP35) und bei *C. coli* 11 Cluster (CP1 bis CP11) detektiert.

4.4.1.1 Ergebnisse der AFLP- Genotypisierung der *C. jejuni*- Isolate

Die Abbildung 13 stellt ein Dendrogramm aller aus Poolproben gewonnenen *C. jejuni*- Isolate dar.

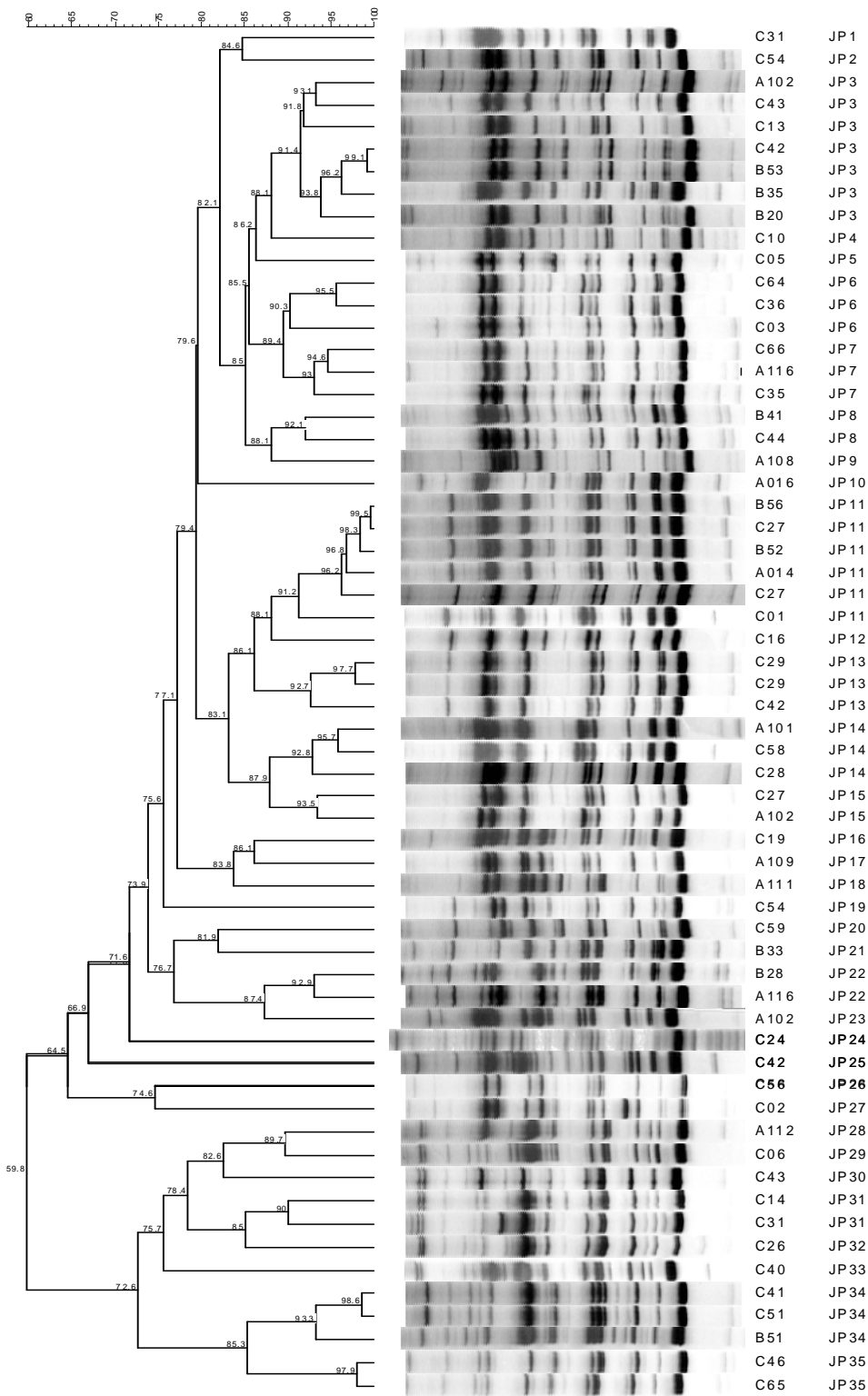


Abb. 13: Dendrogramm aller *C. jejuni*- Poolproben- Isolate (A bis C, Schlachtbetrieb; 01 bis 116, Mastbetrieb; JP1 bis JP35, Cluster)

Die Cluster JP1, JP2, JP4, JP5, JP9, JP10, JP12, JP16 bis JP21, JP23 bis JP30, JP32 und JP33 waren nur durch je ein *Campylobacter*- Isolat vertreten. Der Cluster JP3 beinhaltete je drei Isolate von drei Mastherden der Schlachtbetriebe B und C und ein Isolat einer Masthähnchenherde, die im Schlachthof A geschlachtet wurde. Der Cluster JP6 stellte drei Isolate von Herden aus dem Schlachthof C dar. Der Cluster JP7 umfasste Isolate von zwei Mastherden des Schlachtbetriebes C und ein Isolat einer Herde aus dem Schlachthof A. Der Cluster JP8 enthielt je ein Isolat aus den Schlachthöfen B und C. Ein Isolat aus dem Schlachthof A, zwei Isolate von zwei Mastherden aus dem Schlachthof B und drei Isolate von zwei Mastherden aus dem Schlachtbetrieb C waren im Cluster JP11 vertreten. Drei Isolate von zwei Mastherden des Schlachtbetriebes C wurden dem Cluster JP13 zugeordnet. Im Cluster JP14 kamen zwei Isolate von Mastherden aus dem Schlachthof C und ein Isolat einer Mastherde aus dem Schlachtbetrieb A vor. Die Cluster JP15 und JP22 enthielten je ein Mastherdenisolat aus dem Schlachthof A und ein Mastherdenisolat aus dem Schlachthof C bzw. B. Je zwei Isolate von Mastherden des Schlachtbetriebes C repräsentierten die Cluster JP31 und JP35. Im Cluster JP34 waren drei Isolate von zwei Mastherden, die in den Schlachthöfen B und C geschlachtet wurden, versammelt.

Die verschiedenen Isolate der Mastherden 27, 28, 31, 35, 41, 42, 43, 54, 56, 102 und 116 wurden verschiedenen Clustern zugeordnet. Von den Mastherden 27, 29 und 51 waren Isolate in denselben Clustern vorzufinden.

4.4.1.2 Ergebnisse der AFLP- Genotypisierung der *C. coli*- Isolate

Die Abbildung 14 stellt ein Dendrogramm aller aus Poolproben gewonnenen *C. coli*- Isolate dar.

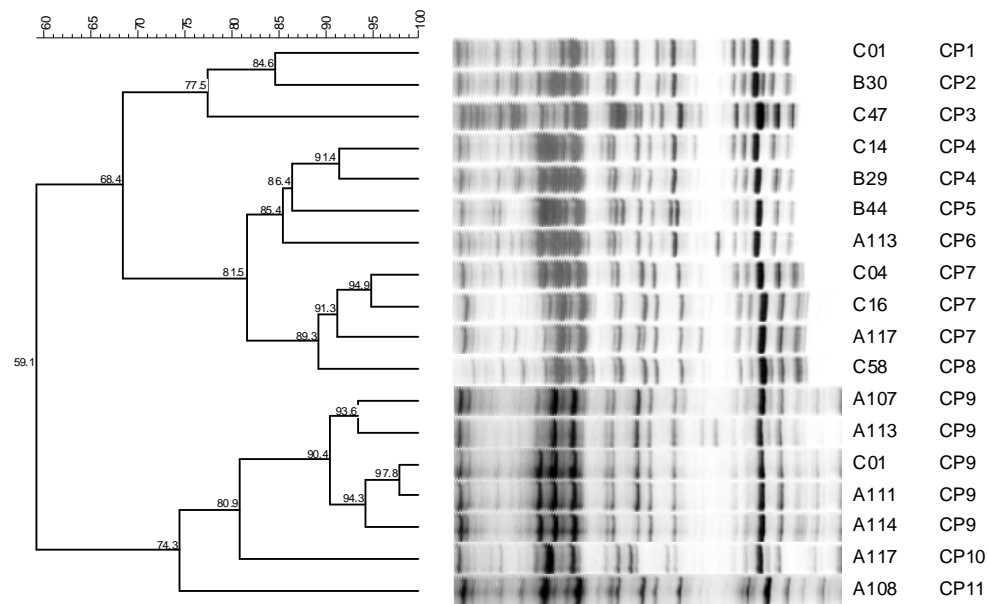


Abb. 14: Dendrogramm aller *C. coli*- Poolproben- Isolate (A bis C, Schlachthof; 01 bis 117, Mastbetrieb; CP1 bis CP11, Cluster)

Die Cluster CP1, CP2, CP3, CP5, CP6, CP8, CP10 und CP11 beinhalteten jeweils ein *Campylobacter*- Isolat. Der Cluster CP4 umfasste je ein Isolat von Herden aus den Schlachthöfen B und C. Der Cluster CP7 repräsentierte Isolate von zwei Mastherden des Schlachtbetriebes C und ein Isolat einer Herde aus dem Schlachthof A. Der Cluster CP9 enthielt ein Isolat von einer Mastherde des Schlachtbetriebes C und vier Isolate von Masthähnchenherden, die im Schlachthof A geschlachtet wurde.

Die Isolate der Mastherden 01, 113 und 117 wurden verschiedenen Clustern zugeordnet.

4.4.2 Einzelproben von wiederkehrend *Campylobacter*- positiven Masthähnchenherden

Die Untersuchung der 157 *Campylobacter*- Einzelproben- Isolate (67 *C. jejuni*, 90 *C. coli*) von fünf Ställen, welche drei bis fünf wiederkehrend *Campylobacter*- positive Masthähnchenherden aufwiesen, ergab insgesamt 47 verschiedene Cluster. Bei *C. jejuni* wurden 17 (J1 bis J17) und bei *C. coli* 30 Cluster (C1 bis C30) detektiert.

Tabelle 23 gibt einen Überblick über die Cluster in den verschiedenen Herden der Ställe A, H, J, L und N. Die dazugehörigen Dendrogramme sind im Anhang zu finden.

Stall	Herdendurchgang				
	1	2	3	4	5
A	J14 (6)	J13 (9)	J9 (6) J10 (2)	J6 (4) J9 (5)	
H	C18 (10)	J11 (2) J14 (6)	C21 (10)		
J	J3 (1)	J4 (1) J5 (1) J7 (1) J17 (1)	J1 (2) J5 (1) J12 (4)	J1 (2) J5 (5)	J8 (4)
L	C11 (2) C12 (7) C16 (1)	C1 (1) C2 (1) C3 (1) C11 (3) C29 (1) C30 (1) J15 (1) J16 (1)	C6 (1) C7 (3) C8 (1) C9 (1) C10 (1) C15 (1)	C4 (1) C6 (2) C9 (1) C10 (2) C17 (1)	C5 (1) C6 (1) C10 (1) C13 (1) C14 (1) C26 (1) C27 (1) C28 (1)
N	C20 (6) C24 (2) C25 (1)	C19 (10)	C19 (5) C22 (4) C23 (1)	J2 (1)	

Tab. 23: Vorkommen der verschiedenen Cluster in den Herden der Ställe A, H, J, L und N (C1 bis 30, *C. coli*- Cluster; J1 bis J17, *C. jejuni*- Cluster; (Anzahl der Isolate))

Bei Stall A wurden in der ersten Herde AFLP- Genotypen des Clusters J14 und in der zweiten Herde des Clusters J13, der eine 80,3%ige Ähnlichkeit zum Cluster J14 aufwies, vorgefunden. Die dritte Herde beherbergte AFLP- Genotypen der Custer J9 und J10, die zu 87,9% in ihrem Fragmentmuster übereinstimmten. Auch in der vierten Herde wurden AFLP- Genotypen des Clusters J9 detektiert, hier wurden AFLP- Genotypen eines weiteren Clusters (J6) identifiziert, der eine 78,8%ige Ähnlichkeit zum Cluster J14 zeigte. In den Herden drei und vier waren AFLP- Genotypen des Clusters J9 vorherrschend.

In der ersten und dritten Herde des Stalles H wurde je ein herdenspezifischer Cluster (C18 und C21) detektiert, die sich in ihrem Fragmentmuster zu 79,5% ähnelten. Der zweite Durchgang beinhaltete AFLP- Genotypen der Cluster J11 und J14, von denen letzterer dominant auftrat.

Stall J wies im ersten Durchgang nur einen *C. jejuni*- Stamm (J3) auf. Im zweiten Durchgang beherbergte er AFLP- Genotypen von vier verschiedenen Clustern (J4, J5, J7, J17), im dritten Durchgang von drei Clustern (J1, J5, J12), im vierten Durchgang von zwei Clustern (J1, J5) und im fünften Durchgang von einem Cluster (J8). AFLP- Genotypen des Clusters J5 wurden in den Durchgängen zwei bis vier und des Clusters J1 in den Durchgängen drei und vier nachgewiesen. Die Cluster J3 und J4 waren sich in ihren Fragmentmustern zu 81,6% ähnlich. Die Cluster J5 und J8 ähnelten sich zu 86,4% und zeigten eine 85,4%ige Übereinstimmung mit dem Cluster J7.

Bei Stall L waren im ersten Durchgang AFLP- Genotypen der Cluster C11, C12 und C16 vorzufinden, wobei der Cluster C12 dominierte. Im zweiten Durchgang wurden bei den *C. coli*- Isolaten sechs (C1, C2, C3, C11, C29, C30) und bei den *C. jejuni*- Isolaten zwei Cluster (J15, J16) identifiziert. Der dritte Durchgang beherbergte AFLP- Genotypen von sechs Clustern (C6, C7, C8, C9, C10, C15). Im vierten Durchgang waren AFLP- Genotypen von fünf Clustern (C4, C6, C9, C10, C17) vorhanden, im fünften Durchgang waren es sogar AFLP- Genotypen von acht Clustern (C5, C6, C10, C13, C14, C26, C27, C28). Die Durchgänge eins und zwei beherbergten AFLP- Genotypen desselben Clusters (C11). Die Cluster C6 und C10 enthielten Isolate aus den Durchgängen drei, vier und fünf. AFLP- Genotypen des Clusters C9 kamen sowohl im Durchgang drei als auch vier vor. Die Cluster C7 und C8 zeigten eine 86,5%ige Übereinstimmung der Fragmentmuster und ähnelten den Clustern C9 und C10 zu 86%, die wiederum eine 88%ige Ähnlichkeit aufwiesen. Die Cluster C11 und C12 waren zu 87,6% verwandt und ähnelten den Clustern C7 bis C10 zu 83,5%. Eine Ähnlichkeit von über 80% war zwischen den Clustern C1 und C2, C4 und C5, C13 und C14, C16 und C17, C27 und C28, C29 und C30 sowie J15 und J16 vorhanden.

Bei Stall N beherbergte der erste Durchgang AFLP- Genotypen von drei Clustern (C20, C24, C25), wobei der Cluster C20 dominierte. Durchgang zwei wies AFLP- Genotypen von einem Cluster (C19) auf. Im Durchgang drei kamen AFLP- Genotypen von zwei weiteren Clustern (C22, C23) dazu. Der vierte Durchgang beherbergte nur einen *C. jejuni*- Stamm (J2). Die Cluster C19 und C20 waren zu 86,7% verwandt und zeigten eine 80,6%ige Ähnlichkeit zu den Clustern C22 und C23, die sich zu 89,8% ähnelten. Die Cluster C24 und C25 zeigten eine 85,4%ige Übereinstimmung ihrer Fragmentmuster.

In Summe beherbergten sechs Herden AFLP- Genotypen von ausschließlich einem Cluster, vier Herden von zwei Clustern, vier Herden von drei Clustern, je eine Herde von sechs, vier oder fünf Clustern, und zwei Herden von acht Clustern. In zwei Herden war nur ein *Campylobacter*- Stamm vorzufinden. In den einzelnen Herden und zwischen den Herden eines Stalles zeigten einige Cluster eine starke Ähnlichkeit. Der Vergleich aller Isolate zeigte, dass AFLP- Genotypen des Clusters J14 in den Ställen A und H vorkamen.

4.5 Mästeraudit

Die Tabelle 24 gibt die Häufigkeitsverteilungen der jeweiligen Ausprägungen verschiedener Variablen in Bezug auf den *Campylobacter*- Befund wieder. Dabei sind die *Campylobacter*- Befunde nach Sommerhalbjahr, Winterhalbjahr und Jahr dargestellt. Die Positiv- Befunde wurden zusätzlich in Prozenten angegeben.

Die Testung der Variablen ergab, dass nur drei Variablen einen signifikanten Einfluss auf die *Campylobacter*- Belastung hatten: die Haltungsform, die Herdengröße und die Tränkeform. Dabei gab es Unterschiede in den Beprobungszeiträumen. Im Sommerhalbjahr wurde grundsätzlich keine Variable als signifikanter Einflussfaktor erkannt. In Tabelle 25 sind die Variablen mit signifikantem Einfluss auf die *Campylobacter*- Belastung ($p < 0,05$) sowie die Odds Ratios (OR) für die Wahrscheinlichkeit, dass der *Campylobacter*- Befund positiv ist, dargestellt.

Bei der Haltungsform konnte im Winterhalbjahr ein signifikanter Einfluss ($p = 0,026$) erkannt werden mit einer 5,8fach höheren Wahrscheinlichkeit, bei Freilandhaltung oder biologischer Haltung *Campylobacter*- positiv zu sein. Die Herdengröße war ebenfalls im Winterhalbjahr ($p < 0,001$) als auch bei der Ganzjahresbetrachtung ($p = 0,01$) streng assoziiert mit *Campylobacter*- Infektionen, hierbei waren vor allem Herden mit einer Tierzahl bis zu 15.000 und über 25.000 betroffen. Die Tränkeform hatte einen signifikanten Einfluss auf den *Campylobacter*- Status im Winterhalbjahr ($p = 0,039$) mit einer fast 5fach größeren Wahrscheinlichkeit, *Campylobacter*- belastet zu sein, wenn Nippeltränken mit Auffangschale anstatt Nippeltränken ohne Auffangschale benutzt werden.

Variable	Campylobacter- Befund									
	Sommer			Winter			Jahr			
	neg.	pos.		neg.	pos.		neg.	pos.		
	abs.	in %		abs.	in %		abs.	in %	abs.	in %
Stallanzahl										
1	4	10	71	6	7	54	2	12	86	
2	4	6	60	7	3	30	4	6	60	
3	6	3	33	7	3	30	6	4	40	
4	1	3	75	3	1	25	1	3	75	
5	2	6	75	4	4	50	1	7	88	
6	5	3	38	5	2	29	4	4	50	
7	1	0	0	1	0	0	1	0	0	
8	9	3	25	10	3	23	8	5	38	
9	0	2	100	1	1	50	0	2	100	
10	1	0	0	1	0	0	1	0	0	
12	1	1	50	2	0	0	1	1	50	
13	0	1	100	0	1	100	0	1	100	
15	1	0	0	1	0	0	1	0	0	
Herdengröße										
bis 10.000	4	7	64	5	7	58	2	10	83	
10.001 bis 15.000	3	6	67	4	5	56	2	7	78	
15.001 bis 20.000	2	2	50	4	0	0	2	2	50	
20.001 bis 25.000	20	14	41	29	5	15	20	15	43	
25.001 bis 30.000	2	6	75	3	5	63	1	7	88	
über 30.000	4	3	43	3	3	50	3	4	57	
Abstand zu anderen Tierhaltungen										
bis 1 km	24	17	41	27	14	34	20	22	52	
1,1 bis 10 km	11	20	65	20	11	35	10	22	69	
über 10 km	0	1	100	1	0	0	0	1	100	
Trennung von anderen Betriebsbereichen										
nein	3	2	40	3	2	40	2	3	60	
ja	32	36	53	45	23	34	28	42	60	
Trennung von reiner und unreiner Seite										
nein	7	12	63	12	7	37	5	14	74	
ja	28	26	48	36	18	33	25	31	55	
Zufahrts- und innerbetriebliche Wege befestigt und desinfizierbar										
nein	6	8	57	11	3	21	6	8	57	
ja	29	30	51	37	22	37	24	37	61	
Stallumgebung befestigt und frei von Bewuchs und Unrat										
nein	21	19	48	27	14	34	17	25	60	
ja	14	29	67	21	11	34	13	20	61	
Zugang für andere Tiere auf dem Gelände										
nein	29	28	49	39	18	32	26	33	56	
ja	6	10	63	9	7	44	4	12	75	
Bodensubstanz intakt										
nein	2	3	60	2	3	60	1	4	80	
ja	33	35	51	46	22	32	29	41	59	

Tab. 24: Häufigkeitsverteilungen der jeweiligen Ausprägungen verschiedener Variablen auf den *Campylobacter*- Befund

Variable	Campylobacter- Befund								
	Sommer		Winter		Jahr				
	neg.	pos.	neg.	pos.	neg.	pos.			
Eigenschaft	abs.	in %	abs.	in %	abs.	in %			
Deckensubstanz intakt									
nein	1	1	50	1	1	50	0	2	100
ja	34	37	52	47	24	34	30	43	59
Wandsubstanz intakt									
nein	2	3	60	3	2	40	1	4	80
ja	33	35	51	45	23	34	29	41	59
Vorräume sauber									
nein	4	2	33	6	0	0	4	2	33
ja	31	36	54	42	25	37	26	43	62
Desinfektionsmatten vorhanden und mit Desinfektionsmittel getränkt									
nein	1	5	83	3	3	50	0	6	100
ja	34	33	49	45	22	33	30	39	57
Wechsel des Desinfektionsmittels									
alle 1-2 Tage	4	5	56	6	2	25	4	5	56
jede Woche	9	7	44	12	4	25	9	7	44
alle 2 Wochen	1	2	67	2	2	50	1	3	75
alle 3 Wochen	0	1	100	0	1	100	0	1	100
alle 4 Wochen	1	0	0	0	1	100	0	1	100
Kleidung im jeweiligen Stall belassen									
nein	13	15	54	20	8	29	11	17	61
ja	22	23	51	28	17	38	19	28	60
Geräte im jeweiligen Stall belassen									
nein	10	9	47	13	6	32	8	11	58
ja	25	29	54	35	19	35	22	34	61
Personenzuständigkeit									
eine Person für einen Stall	7	14	67	12	8	40	5	16	76
eine Person für mehrere Ställe	21	19	48	28	13	32	19	23	55
mehrere Personen für mehrere Ställe	7	5	42	8	4	33	6	6	50
Schädlinge vorhanden									
nein	15	14	48	18	11	38	13	18	58
ja	20	24	55	30	14	32	17	27	61
Reinigung									
Kaltwasser	1	0	0	1	0	0	1	0	0
Hochdruck+Heißwasser	24	23	49	33	13	28	21	27	56
Hochdruck+Kaltwasser	10	15	60	14	12	46	8	18	69
Serviceperiode									
bis 5 Tage	3	0	0	2	1	33	2	1	33
bis 10 Tage	22	25	53	29	18	38	18	30	63
bis 15 Tage	9	12	57	15	6	29	9	13	59
bis 20 Tage	1	1	50	2	0	0	1	1	50

Tab. 24: Häufigkeitsverteilungen der jeweiligen Ausprägungen verschiedener Variablen in Bezug auf den *Campylobacter*- Befund (Fortsetzung)

Variable	Campylobacter- Befund								
	Sommer			Winter			Jahr		
	neg.	pos.		neg.	pos.		neg.	pos.	
Eigenschaft	abs.	in %		abs.	in %		abs.	in %	
Schädlingsbekämpfung									
nein	0	1	100	1	0	0	0	1	100
ja	35	37	51	47	25	35	30	44	59
Haltungsform									
Konventionelle Haltung	30	29	49	43	15	26	28	33	54
Louisianastall	1	4	80	2	3	60	1	4	80
Freilandhaltung	4	2	33	2	5	71	2	5	71
Biologische Haltung	0	3	100	1	2	67	0	3	100
Besatzdichte in kg									
19	0	3	100	1	2	67	0	3	100
20	4	2	33	2	5	71	2	5	71
35	31	33	52	45	18	29	28	37	57
Fraktionierte Schlachtung									
nein	22	20	48	30	11	27	19	24	56
ja	13	18	58	18	14	44	11	21	66
Klimaparameter im Normbereich									
nein	0	1	100	0	1	100	0	1	100
ja	35	37	51	48	24	33	30	44	59
Überprüfung der Klimaparameter									
Lufttemperatur	1	5	83	3	3	50	1	5	83
Lufttemperatur+Luftfeuchte	4	6	60	5	6	55	2	9	82
Lufttemperatur+Luftfeuchte+CO ₂	26	27	51	37	15	29	24	30	56
Lufttemperatur+Luftfeuchte+CO ₂ +NH ₃	4	0	0	3	1	25	3	1	25
Zufütterung									
nein	16	19	54	23	13	36	13	23	64
ja	19	19	50	25	12	32	17	22	56
Wasser									
Gemeinde	18	21	54	27	12	31	17	24	59
Brunnen	17	17	50	21	13	38	13	21	62
Tränkeform									
Nippeltränke mit Auffangschale	23	30	57	31	22	42	20	35	64
Nippeltränke ohne Auffangschale	11	5	31	14	2	13	9	7	44
Mistlagerung									
ausserhalb	33	36	52	45	24	35	28	43	61
auf dem Gelände	2	2	50	3	1	25	2	2	50
Mistentsorgung									
Verkauf/Abgabe	18	20	53	23	15	39	16	23	59
Ausbringung	16	17	52	23	10	30	13	21	62
Kombination	1	1	50	2	0	0	1	1	50

Tab. 24: Häufigkeitsverteilungen der jeweiligen Ausprägungen verschiedener Variablen in Bezug auf den *Campylobacter*- Befund (Fortsetzung)

Variable	Sommer			Winter			Jahr		
	p- Wert	OR	95%	p- Wert	OR	95%	p- Wert	OR	95%
Haltungsform									
Konventionell und Louisiana	1,000	1		0,026	1		0,298	1	
Freiland und Biologisch		1,17	(0,29;4,78)		5,83	(1,36;25,09)		3,03	(0,60;15,38)
Herdengröße									
bis 15.000 Tiere	0,247	2,55		0,000	8,80		0,01	5,50	
15.001 bis 25.000 Tiere		1			1			1	
über 25.000 Tiere		2,06			8,80			3,56	
Tränkeform									
Nippeltränke mit Auffangschale	0,093	2,87	(0,87;9,43)	0,039	4,98	(1,02;24,39)	0,247	2,25	(0,73;6,94)
Nippeltränke ohne Auffangschale		1			1			1	

Tab. 25: Variablen mit signifikantem Einfluss auf die *Campylobacter*- Belastung