

Forschungsverbund RESET: ESBL and (fluoro)quinolone re- sistance in *Enterobacteriaceae*



Ergänzende Informationen zu vorläufigen Ergebnissen aus dem Forschungsverbund RESET (Stand: 25. Januar 2012)

Im Rahmen von **Querschnittsstudien** seitens des **Instituts für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung der Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover** wurden bislang 54 Bestände (Schwein, Milchrind, Mastrind, Broiler) auf das Vorkommen von ESBLs untersucht (Stand: 9.11.2011). Die Ergebnisse für die einzelnen Tierarten sind in Tabelle 1 zusammengefasst.

Tabelle 1: Vorläufige Ergebnisse einer Querschnittsstudie in verschiedenen Tierbeständen (Quelle: RESET-Verbund, Institut für Biometrie, Epidemiologie und Informationsverarbeitung, Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover; Stand: 9.11.2011)

Tierart	Anzahl untersuchte Bestände	Anteil Bestände mit Nachweis von ESBL-verdächtigen <i>E. coli</i>
Schwein	25	88%
Milchrind	12	67%
Mastrind	9	67%
Broiler	6	100%

In **Querschnittsstudien** durch das **Institut für Tier- und Umwelthygiene des Fachbereichs Veterinärmedizin der Freien Universität Berlin** wurden bisher 48 Schweine- und Masthähnchenbestände auf ESBL-verdächtige Mikroorganismen hin untersucht (siehe Tabelle 2) und acht ausgewählte Betriebe anschließend mehrfach hintereinander im Rahmen einer **Longitudinalstudie** beprobt (siehe Tabelle 3). Bisher konnten ESBL-verdächtige Enterobakterien regelmäßig im Stall (Masthähnchen, Mastschweine) sowie auf dem Boden der Stallumgebung und der Gülle nachgewiesen werden.

Tabelle 2: Vorläufige Ergebnisse einer Querschnittsstudie in verschiedenen Tierbeständen (Quelle: RESET-Verbund, Institut für Tier- und Umwelthygiene am Fachbereich Veterinärmedizin der Freien Universität Berlin; Stand: 24.1.2012)

Tierart	Anzahl untersuchte Bestände	Anteil Bestände mit Nachweis von ESBL-verdächtigen <i>E. coli</i>
Zuchtschwein	23	65%
Mastschweine	17	41%
Geflügel	8	100%



Tabelle 3: Vorläufige Ergebnisse von Longitudinaluntersuchungen in Schweine- und Masthähnchenhaltungen (Quelle: RESET-Verbund, Institut für Tier- und Umwelthygiene am Fachbereich Veterinärmedizin der Freien Universität Berlin; Stand: 24.1.2012)

Probenart	ESBL-verdächtige <i>E.coli</i> in % (n positiv / n Proben)	
	Geflügel ¹	Schwein ²
Kot von Einzeltieren	76 (152/200)	63 (113/180)
Sammelkot	100 (11/11)	67 (6/9)
Umgebungsproben im Stall	76 (47/62)	29 (13/43)
Staub	82 (9/11)	- (0/9)
Stallluft	- (0/33)	- (0/27)
Bodentupfer um Stallgebäude	30 (10/33)	22 (6/27)
Außenluft	14 (3/21)	8 (1/13)

¹ zusammengefasste bisherige Ergebnisse folgender Probenahmen: Untersuchung von 3 Hähnchenmastbeständen am Masttag 1, 14 und 28 der Mast; 1 Hähnchenmastbestand am Tag 1 und 14 nach Einstallung

² zusammengefasst bisherige Ergebnisse folgender Probenahmen: Untersuchung von 2 Schweine- mastbeständen am Masttag 1, 60 und 120; 1 Bestand am Tag 1 und 60 sowie 1 Bestand am Tag 1 nach Einstallung.

Bei der weiterführenden Charakterisierung von bisher 58 *E. coli* Isolaten mit einer Cefotaxim-Resistenz (Wachstum bei $\geq 1 \mu\text{g}/\text{ml}$ Cefotaxim) durch die **FG 46: Antibiotikaresistenz und Resistenzdeterminanten am Bundesinstitut für Risikobewertung** konnte der ESBL-Verdacht bestätigt werden, da stets entweder ein ESBL-kodierendes oder AmpC-kodierendes Gen nachgewiesen wurde. Tabelle 4 gibt einen Überblick über die vorläufigen Ergebnisse.

Tabelle 4: Vorläufige Ergebnisse der weiterführenden Untersuchung von ESBL-verdächtigen *E. coli*-Isolaten (Quelle: RESET-Verbund, FG 46: Antibiotikaresistenz und Resistenzdeterminanten, Bundesinstitut für Risikobewertung; Stand: 24.1.2012)

ESBL- bzw. AmpC- kodierendes Gen	Typ	Geflügel (n=18)	Schwein (n=29)	Rind (n=11)
<i>bla</i> _{CMY-2}	AmpC	11	2 *	-
<i>bla</i> _{ACC-1}	AmpC	-	2 *	-
<i>bla</i> _{TEM-52}	ESBL	4	2	-
<i>bla</i> _{CTX-M-1}	ESBL	2	20	4
<i>bla</i> _{CTX-M-15}	ESBL	1	2	4
<i>bla</i> _{CTX-M-24}	ESBL	-	2	-
<i>bla</i> _{CTX-M-14}	ESBL	-	1	3

* Die Isolate trugen beide Gene

Zusammenfassend zeigen die bisherigen Ergebnisse, dass mehrere Beta-Laktamase-Varianten (ESBL- bzw. AmpC-kodierende Gene), die auch beim Menschen vorkommen können, in *E. coli*-Isolaten von Rind, Schwein und Geflügel in Deutschland verbreitet sind.

Weitere aktuelle Informationen befinden sich auf der Homepage des Verbunds:

www.reset-verbund.de.