

Institut für Veterinärmedizinische Untersuchungen Innsbruck<sup>1</sup> und Mödling<sup>2</sup> und Institut für Medizinische Mikrobiologie und Hygiene Graz<sup>3</sup>, Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (AGES)

# Zum Vorkommen von *Salmonella enterica*, *Brucella suis* Biovar 2 und *Corynebacterium ulcerans* bei freilebenden Wildschweinen (*Sus scrofa*) in Österreich

W. GLAWISCHNIG<sup>1\*</sup>, E. HOFER<sup>2</sup>, R. POSCH<sup>2</sup>, A. SAILER<sup>1</sup>, S. REVILLA-FERNÁNDEZ<sup>2</sup>, C. KORNSCHÖBER<sup>3</sup>, H. LASSNIG<sup>3</sup>, K. SCHÖPF<sup>1</sup> und F. SCHMOLL<sup>2</sup>

eingelangt am 21. Juni 2017  
angenommen am 21. November 2017

**Schlüsselwörter:** *Salmonella enterica*, *Brucella suis* Biovar 2, *Corynebacterium ulcerans*, Wildschwein, *Sus scrofa*, Österreich.

**Keywords:** *Salmonella enterica*, *Brucella suis* Biovar 2, *Corynebacterium ulcerans*, wild boar, *Sus scrofa*, Austria.

## ■ Zusammenfassung

Wildschweine stellen ein schwer kontrollierbares Reservoir für verschiedene Zoonosen und wirtschaftlich relevante Krankheitserreger dar. In der vorliegenden Studie wurden Tonsillargewebe von insgesamt 490 Wildschweinen und Mandibularlymphknoten von insgesamt 228 Wildschweinen unterschiedlicher Altersgruppen und Geschlechter, welche in den Jagdjahren 2011/2012 in den Bundesländern Niederösterreich, Burgenland, Oberösterreich und Steiermark in freier Wildbahn erlegt wurden, mittels Kultur auf Salmonellen, Brucellen, Corynebakterien und weitere pathogene Bakterien untersucht. Aus dem Tonsillargewebe von 55 Tieren (11,2 %) wurden Salmonellen isoliert, wobei *Salmonella* Choleraesuis bei 35 Wildschweinen (7,2 %) am häufigsten nachgewiesen wurde. Fünf Wildschweine (1,0 %) waren mit *Salmonella* Hessarek und vier Wildschweine (0,8 %) mit *Salmonella* Typhimurium infiziert.

## ■ Summary

**Occurrence of *Salmonella enterica*, *Brucella suis* Biovar 2 and *Corynebacterium ulcerans* in free-living wild boars (*Sus scrofa*) in Austria**

### Introduction

Wild boars (*Sus scrofa*) can act as a reservoir for several infectious diseases of economic and zoonotic importance. In the present study, 490 tonsils and 228 mandibular lymph nodes from wild boars of different ages and sexes, shot during the 2011–2012 hunting season in the federal provinces of Lower Austria, Burgenland, Upper Austria and Styria, were investigated for the presence of *Salmonella enterica*, *Brucella* spp., *Corynebacterium* spp. and other pathogenic bacteria.

### Materials and methods

Laboratory testing of tonsils was carried out according to OIE, Manual of diagnostic tests and vaccines for terrestrial animals, Chapter 2.9.8., Salmonellosis

and ISO 6579:2002/Amd 1:2007 (Annex D). *Salmonella* serovars were established by slide agglutination tests using both polyvalent and specific sera against somatic (O) and flagellar (H) antigens according to the White-Kauffmann-Le Minor scheme. Brucellae were isolated from mandibular lymph nodes using 10 % sheep blood Columbia agar and a selective supplement incubated at 37 °C in ambient air. The isolates were phenotyped using standard methods. Molecular identification was performed with the INgene Bruce-ladder suis kit. Isolation and identification of other pathogens was performed using standard bacteriological methods, API® 20 Strep, API® Coryne, MALDI-TOF MS and 16S rDNA partial gene sequencing.

### Results

The examination of the tonsils from 55 animals (11.2 %) revealed an infection with *Salmonella enterica*. *Salmonella* Choleraesuis could be identified in 35 animals (7.2 %). Five wild boars (1.0 %) were infected with *Salmonella* Hessarek and

\*E-Mail: walter.glawischnig@ages.at

Bei einzelnen Tieren (1,8 %) wurde *Salmonella* Abony, *Salmonella* Thompson, *Salmonella enterica* subsp. *salamae*, *Salmonella enterica* subsp. *diarizonae* sowie ein monophasischer Stamm der Gruppe B und C1 nachgewiesen. Aus den Mandibularlymphknoten von zwölf Tieren (5,2 %) wurde *Brucella suis* Biovar 2 sowie von 26 Tieren (11,4 %) *Corynebacterium ulcerans* isoliert. Bei 23 Wildschweinen (10,1 %) wurde *Streptococcus porcinus*, bei drei Wildschweinen (1,3 %) *Rhodococcus equi* und bei einem Wildschwein (0,4 %) *Actinomyces hyovaginalis* nachgewiesen. Die Ergebnisse unserer Studie unterstreichen die Bedeutung eines Überwachungssystems bei österreichischen Wildschweinen zur Gewinnung valider Daten von für Mensch und Tier wichtigen Krankheitserregern.

four with *Salmonella* Typhimurium (0.8 %). The following serotypes were found in single animals: *Salmonella* Abony, *Salmonella* Thompson, *Salmonella enterica* subsp. *salamae*, *Salmonella enterica* subsp. *diarizonae* and one monophasic strain group B and C1. *Brucella suis* biovar 2 was isolated from twelve wild boars from eight districts in three federal states. *Corynebacterium ulcerans* (26 isolates), *Streptococcus porcinus* (23 isolates), *Rhodococcus equi* (three isolates) and *Actinomyces hyovaginalis* (one isolate) were cultured from lymph node-abscesses.

### Conclusions

There is a potential risk of spillover of *Salmonella enterica*, *Brucella suis* biovar 2 and *Corynebacterium ulcerans* from wild boars to domestic pigs or humans. The results show the importance of monitoring the wild boar population on a national level to gain valid data on endemic pathogens that can affect humans as well as domestic animals.

**Abkürzungsverzeichnis:** AGES = Österreichische Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit; ASAP = AES-Salmonellen Agar-Platte; BLASTN = Nucleotide Basic Local Alignment Search Tool; CAMP = Christie, Atkins, Munch-Petersen; MALDI-TOF MS = matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry; MSR/V = Modified-Semi-solid-Rappaport-Vassiliadis; NCBI = National Center for Biotechnology Information; XLD = Xylose-Lysin-Desoxycholat

## ■ Einleitung

Wie in vielen anderen europäischen Ländern hat auch in Österreich die Wildschweinpopulation (*Sus scrofa*) in den letzten Jahrzehnten deutlich zugenommen (MASSEI et al., 2015; STATISTIK AUSTRIA, 2016). Diese Wildtierart, welche in der Vergangenheit fast ausschließlich in den Bundesländern Niederösterreich und Burgenland beheimatet war, ist heute bereits in der Steiermark und Oberösterreich weit verbreitet und wird vermehrt in voralpinen Habitaten und vereinzelt auch schon in alpinen Bereichen angetroffen. Hauptverantwortlich für den starken Zuwachs der Wildschweinpopulation und ihrer Ausbreitung in Österreich sind neben der schwierigen Bejagung vor allem die schneearmen, warmen Winter, welche durch ein verbessertes Nahrungsangebot eine höhere Überlebensrate des Nachwuchses ermöglichen (VETTER et al., 2015).

Für Haus- und Nutztiere stellen Wildschweine eine potentielle Infektionsquelle für verschiedene virale, bakterielle und parasitäre Krankheiten dar, wobei auch Übertragungswege vice versa möglich sind (MENG et al., 2009; WACHECK et al., 2010). Von Bedeutung sind vor allem jene Krankheiten, welche großen volkswirtschaftlichen Schaden verursachen können, wie beispielsweise die Europäische oder Afrikanische Schweinepest oder die Tuberkulose (GORTAZAR et al., 2007; MENG et al., 2009; GAVIER-WIDEN et al., 2015). Wildschweine sind Reservoir

für zahlreiche Zoonoseerreger, wobei Übertragungen auf den Menschen meist durch direkten Kontakt oder durch den Verzehr von rohen oder nicht vollständig erhitzten Fleischprodukten verursacht werden (MENG et al., 2009; WACHECK et al., 2010). Zum Schutz des Konsumenten wurden daher vom Gesetzgeber zahlreiche Maßnahmen und Vorkehrungen getroffen, um eine gesundheitliche Unbedenklichkeit von Lebensmitteln von freilebendem Wild (u.a. vom Wildschwein) zu gewährleisten (BGBl. II Nr. 108/2006; Verordnung (EG) Nr. 853/2004; Verordnung (EG) Nr. 854/2004).

Bis dato liegen über Nachweise von bakteriellen Krankheits- und Zoonoseerregern bei Wildschweinen in Österreich nur wenige Informationen vor, unter anderem auch deshalb, da zahlreiche seuchenrelevante Krankheiten bei Wildtieren nicht anzeigepflichtig sind (HOFER, 2009; HOFER et al., 2010; PAULSEN et al., 2012; WEINDL et al., 2016). Ziel der vorliegenden Arbeit war es, das Vorkommen von *Salmonella enterica*, *Brucella* spp. und *Corynebacterium* spp. bei dieser Wildtierart zu untersuchen und Häufigkeit und Verbreitung dieser potentiellen Zoonoseerreger in der österreichischen Wildschweinpopulation zu erheben.

## ■ Material und Methode

Für die vorliegende Studie wurden klinisch unauffällige Wildschweine unterschiedlicher Altersgruppen und Geschlechter verwendet, welche in den Jagdjahren 2011/2012 in den Bundesländern

Niederösterreich, Burgenland, Oberösterreich und Steiermark in freier Wildbahn erlegt worden waren. Aus den Wildschweinen wurden unmittelbar nach der Jagd die Brust- und Bauchorgane sowie der Magen-Darmtrakt entfernt und die Tierkörper in Kühlräumen gelagert. In einem Wildbearbeitungsbetrieb, welcher die entweideten, ungehäuteten Wildschweine über Händler zukaufft, wurden von insgesamt 490 willkürlich ausgewählten Tierkörpern (Tab. 1) die Köpfe abgetrennt und diese für die Entnahme von Probenmaterial an die Untersuchungsstelle der AGES in Innsbruck geliefert. Dort wurden aus jedem Kopf Tonsillargewebe sowie der linke und rechte Mandibularlymphknoten (*Lnn. mandibulares*) mit jeweils sterilen Schneidewerkzeugen entnommen und das Untersuchungsmaterial bis zur weiteren mikrobiologischen Bearbeitung bei -23 °C tiefgefroren.

Nach dem Auftauen wurden die Tonsillen jedes Tieres mit sterilen Instrumenten grob zerkleinert und mit Standardmethoden (ISO, 2007; OIE, 2016) auf Salmonellen untersucht. Zur Voranreicherung wurden die Proben 1:10 mit gepuffertem Peptonwasser versetzt und 18 Stunden bei 37 °C bebrütet. Für die selektive Anreicherung wurden MSRV-Agarplatten mit 0,1 ml der inkubierten Peptonwasserkultur beimpft und bis zu 48 Stunden bei 41,5 °C bebrütet. Nach 24 und 48 Stunden Anreicherung wurde mit einer 1 µl Einmalöse Material vom Rand der getrübbten Wachstumszone auf XLD-Agar und chromogenen ASAP-Agar fraktioniert überimpft. Nach 24 Stunden Bebrütung bei 37 °C wurden verdächtige Kolonien subkultiviert und biochemisch mittels API® 20 E und serologisch als Salmonellen identifiziert. Die Serotypisierung erfolgte mittels Objektträgeragglutination unter Verwendung von poly- und monovalenten Antisera gegen Oberflächen- (O) und Geißelantigene (H) entsprechend White-Kauffmann-Le Minor Schema (GRIMONT u. WEILL, 2007).

Bei insgesamt 228 zufällig ausgewählten Wildschweinen erfolgte eine direkt-kulturelle Untersuchung der Mandibularlymphknoten. Für die Anzucht der Brucellen wurde Columbia-Agar mit 10 % Schafblut mit einem Brucella-Selektiv-Supplement verwendet. Die Mandibularlymphknoten wurden nach dem Auftauen durch Abflammen oberflächlich dekontaminiert, mit sterilen Instrumenten halbiert und mit den Schnittflächen auf der Agaroberfläche ausgestrichen. Die Inkubation der beimpften Agarplatten erfolgte sieben Tage lang aerob bei 37 °C. Die Identifizierung der Brucellen erfolgte nach ALTON et al. (1988) über die Wachstumseigenschaften in der Kultur, das mikroskopische Bild im Gram-gefärbten Kulturpräparat, die Objektträgeragglutination mit monospezifischen Anti-*Brucella* Seren, den Ureasenachweis auf Harnstoffagar nach Christensen, die Prüfung auf Schwefelwasserstoffbildung mittels Bleiacetatstreifen und die Wachstumsbeeinflussung durch Thionin und basisches Fuchsin auf Columbia-Agar mit 5 % Pferdeserum (Farbstoffkonzentration 1:50.000). Repräsentative Kolonien der isolierten Stämme wurden für die molekulare Typisierung in 200 µl 1x PBS suspendiert und bei 95 °C 15 Minuten lang inaktiviert. Die DNA-Isolierung aus den Bakterien erfolgte mittels High Pure™ PCR Template Preparation Kit (Roche, Austria). Die molekulare Typisierung der *Brucella suis*-Stämme wurde mittels INgene Bruce-ladder suis multiplex PCR (Ingenasa, Spanien) durchgeführt. Das bei 52 Wildschweinen bei

**Tab. 1:** Anzahl der auf Salmonellen untersuchten Wildschweine nach Geschlecht und Altersgruppe; Gewichtsangaben ohne Innereien und Geschlechtsorgane (NÖ = Niederösterreich, Bgld = Burgenland, Stmk = Steiermark, OÖ = Oberösterreich, m = männlich, w = weiblich, k. A. = keine Angaben, Frischling = ≤25 kg Körpergewicht, Überläufer = 25–50 kg Körpergewicht, Adult ≥50 kg Körpergewicht) / Percentage of examined wild boars according to sex and age (NÖ = Lower Austria, Bgld = Burgenland, Stmk = Styria, OÖ = Upper Austria, m = male, w = female, k.A. = no information, Frischling = piglet, Überläufer = subadult)

| Altersgruppe (Geschlecht) | NÖ                  | Bgld             | Stmk          | OÖ           | Gesamt              |
|---------------------------|---------------------|------------------|---------------|--------------|---------------------|
| Frischling (m/w/k.A.)     | 45<br>(5/8/32)      | 2<br>(1/1/-)     | –             | –            | 47<br>(6/9/32)      |
| Überläufer (m/w)          | 176<br>(67/109)     | 40<br>(7/33)     | 1<br>(1/-)    | –            | 217<br>(75/142)     |
| Adult (m/w)               | 151<br>(105/46)     | 64<br>(51/13)    | 9<br>(8/1)    | 2<br>(1/1)   | 226<br>(165/61)     |
| Gesamt (m/w/k.A.)         | 372<br>(177/163/32) | 106<br>(59/47/-) | 10<br>(9/1/-) | 2<br>(1/1/-) | 490<br>(246/212/32) |

der Präparation der Mandibularlymphknoten festgestellte abszesartig oder nekrotisch veränderte Gewebe wurde auf Columbia-Agar mit 5 % Schafblut, McConkey-Agar und Schaedler-Agar mit 5 % Schafblut fraktioniert ausgestrichen. Die Bebrütung der Agarplatten erfolgte bis zu sieben Tage lang aerob bzw. anaerob bei 37 °C. Die Identifizierung von *Streptococcus porcinus*, *Corynebacterium ulcerans*, *Rhodococcus equi* und *Actinomyces hyovaginalis* erfolgte mit bakteriologischen Standardmethoden, biochemisch mittels API® 20 Strep sowie API® Coryne und molekularbiologisch mittels 16S rDNA-Gensequenzierung. Zu diesem Nachweis, welcher auf der PCR und nachfolgenden Sequenzierung von hochvariablen 16S-rDNA Bereichen beruht, wurde der MicroSEQ® 500 16S rDNA Bacterial Identification System Kit (Thermo Fisher Scientific, Deutschland) verwendet. Die 500 bp-langen PCR Produkte wurden mit dem 3130xl Genetic Analyzer (Thermo Fisher Scientific) analysiert und mit Nukleotidsequenzen der NCBI-Datenbank (BLASTN) verglichen.

*Corynebacterium ulcerans* wurde auch mittels MALDI-TOF Massenspektroskopie (Bruker Daltonik GmbH, Bremen, Deutschland) identifiziert. Dazu wurden die Isolate entsprechend den Herstellerangaben auf das MALDI MSP 96-Target aus poliertem Stahl (Bruker Daltonik, #8280800) nach der Direkttransfermethode aufgetragen, mit Matrix überschichtet und anschließend im Massenspektrometer (Bruker Daltonik Maldi Biotyper Compass IVD Version 4.2.30.0) gemessen. In der verwendeten Datenbank (Bruker Daltonik DB 6763 MSP) sind 272 Profilmuster von *Corynebacterium* (*C.*) spp. hinterlegt, darunter auch *C. diphtheriae*, *C. ulcerans* und *C. pseudotuberculosis*.

#### Bezugsquellennachweis:

API®-Systeme, Bio Merieux Austria, Österreich; ASAP-Agar, Bio Merieux Austria, Österreich; Columbia-, McConkey-, Schaedler Agar, BD Austria, Österreich; Gepuffertes Peptonwasser, Bio Merieux Austria, Österreich; High Pure™ PCR Template Preparation Kit, Roche, Österreich; INgene Bruce-ladder Suis Kit, Ingenasa, Spanien; MicroSEQ® 500 16S rDNA Bacterial Identification System Kit, Thermo Fisher Scientific, Deutschland; Modified Brucella Selektiv-Supplement, Oxoid, Deutschland; Monospezifische Brucellen-Antisera, Veterinary Laboratories Agency, UK; Monovalente Salmonellen-Antisera, SSI Diagnostika, Hillerød, Dänemark; MSRV-Agar, Biokar Diagnostics, Frankreich; Polyvalente

Salmonellen-Antiseren, Sifin Diagnostik Berlin, Deutschland; XLD-Medium, Oxoid, Deutschland

## Ergebnisse

*Salmonella enterica* wurde aus 55 Wildschweinen (11,2 %) isoliert (Tab. 2). Insgesamt konnten bei den Isolaten neun verschiedene Salmonellen-Serovare differenziert werden, wobei am häufigsten *S. Choleraesuis* bei 35 Wildschweinen (7,2 %) nachgewiesen wurde. Fünf Wildschweine (1,0 %) waren mit *S. Hessarek* und vier Wildschweine (0,8 %) mit *S. Typhimurium* infiziert. Bei einzelnen Tieren (1,8 %) wurden *S. Abony*, *S. Thompson*, *S. enterica* subsp. *salamae*, *S. enterica* subsp. *diarizonae* sowie monophasische Stämme der Gruppe B (Antigenformel 1,4,5,12 : y : -) und C1 (Antigenformel 6,7 : - : 1,5) nachgewiesen.

*Brucella (B.) suis* wurde aus den Lymphknoten von zwölf Wildschweinen (5,2 %) isoliert (Tab. 3). Nach 72 Stunden Bebrütung konnte ein für Brucellen charakteristisches, CO<sub>2</sub>-unabhängiges Wachstum von kleinen, runden, grauen, glänzenden Kolonien festgestellt werden. Die Objektträgeragglutination mit monospezifischem A-Antiserum fiel positiv, jene mit monospezifischem M-Antiserum negativ aus. Die Urease-Reaktion war nach massiver Beimpfung des Agars nach 10-15 Minuten deutlich positiv. Die Prüfung auf Schwefelwasserstoffbildung zeigte ein negatives Ergebnis, die Prüfung der Farbstoffempfindlichkeit ergab Resistenz gegenüber Thionin und Empfindlichkeit gegenüber basischem Fuchsin. Die Isolate konnten daher als *B. suis* Biovar 2 identifiziert werden. Das Ergebnis der phänotypischen Charakterisierung wurde durch die molekulare Analyse (iNGene Bruce-ladder suis Kit) bestätigt. Bei 26 Wildschweinen (11,4 %) mit, zum Teil zwiebelschalenartig aufgebauten, gelbbraunen Abszessen in den

**Tab. 2:** Anzahl der positiven Salmonellennachweise bei Wildschweinen aus den 4 Bundesländern (NÖ = Niederösterreich, Bgld = Burgenland, Stmk = Steiermark, OÖ = Oberösterreich) / Percentage of positive Salmonella findings in wild boars in four provinces (NÖ = Lower Austria, Bgld = Burgenland, Stmk = Styria, OÖ = Upper Austria)

| Isolierte Salmonellen                     | NÖ                 | Bgld             | Stmk             | OÖ              | Gesamt             |
|---|--------------------|------------------|------------------|-----------------|--------------------|
| <i>S. Choleraesuis</i>                    | 8,1 %<br>(30/372)  | 3,8 %<br>(4/106) | 10,0 %<br>(1/10) | 0,0 %<br>(0/2)  | 7,2 %<br>(35/490)  |
| <i>S. Abony</i>                           | 0,8 %<br>(3/372)   | 0,0 %<br>(0/106) | 0,0 %<br>(0/10)  | 0,0 %<br>(0/2)  | 0,6 %<br>(3/490)   |
| <i>S. Hessarek</i>                        | 1,1 %<br>(4/372)   | 0,0 %<br>(0/106) | 0,0 %<br>(0/10)  | 50,0 %<br>(1/2) | 1,0 %<br>(5/490)   |
| <i>S. Typhimurium</i>                     | 0,5 %<br>(2/372)   | 1,9 %<br>(2/106) | 0,0 %<br>(0/10)  | 0,0 %<br>(0/2)  | 0,8 %<br>(4/490)   |
| <i>S. Thompson</i>                        | 0,0 %<br>(0/372)   | 0,9 %<br>(1/106) | 0,0 %<br>(0/10)  | 0,0 %<br>(0/2)  | 0,2 %<br>(1/490)   |
| <i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i> | 0,3 %<br>(1/372)   | 0,9 %<br>(1/106) | 0,0 %<br>(0/10)  | 0,0 %<br>(0/2)  | 0,4 %<br>(2/490)   |
| <i>S. enterica</i> ssp. <i>salamae</i>    | 0,5 %<br>(2/372)   | 0,0 %<br>(0/106) | 0,0 %<br>(0/10)  | 0,0 %<br>(0/2)  | 0,4 %<br>(2/490)   |
| Monophasischer Stamm der Gruppe B         | 0,3 %<br>(1/372)   | 0,0 %<br>(0/106) | 0,0 %<br>(0/10)  | 0,0 %<br>(0/2)  | 0,2 %<br>(1/490)   |
| Monophasischer Stamm der Gruppe C1        | 0,5 %<br>(2/372)   | 0,0 %<br>(0/106) | 0,0 %<br>(0/10)  | 0,0 %<br>(0/2)  | 0,4 %<br>(2/490)   |
| Gesamt                                    | 12,1 %<br>(45/372) | 7,5 %<br>(8/106) | 10,0 %<br>(1/10) | 50,0 %<br>(1/2) | 11,2 %<br>(55/490) |

**Tab. 3:** Nachweise verschiedener pathogener Bakterien in den Mandibularlymphknoten (NÖ = Niederösterreich, Bgld = Burgenland, Stmk = Steiermark, OÖ = Oberösterreich) / Detection of various pathogenic bacteria in mandibular lymph nodes (NÖ = Lower Austria, Bgld = Burgenland, Stmk = Styria, OÖ = Upper Austria)

| Isolierte Erreger               | NÖ                 | Bgld            | Stmk            | OÖ               | Gesamt             |
|---------------------------------|--------------------|-----------------|-----------------|------------------|--------------------|
| <i>Corynebacterium ulcerans</i> | 11,8 %<br>(21/178) | 9,5 %<br>(4/42) | 14,3 %<br>(1/7) | 0,0 %<br>(0/1)   | 11,4 %<br>(26/228) |
| <i>Brucella suis</i> Biovar 2   | 4,5 %<br>(8/178)   | 7,1 %<br>(3/42) | 0,0 %<br>(0/7)  | 100,0 %<br>(1/1) | 5,3 %<br>(12/228)  |
| <i>Streptococcus porcinus</i>   | 10,7 %<br>(20/178) | 2,4 %<br>(1/42) | 28,6 %<br>(2/7) | 0,0 %<br>(0/1)   | 10,1 %<br>(23/228) |
| <i>Rhodococcus equi</i>         | 1,1 %<br>(2/178)   | 2,4 %<br>(1/42) | 0,0 %<br>(0/7)  | 0,0 %<br>(0/1)   | 1,3 %<br>(3/228)   |
| <i>Actinomyces hyovaginalis</i> | 0,6 %<br>(1/178)   | 0,0 %<br>(0/42) | 0,0 %<br>(0/7)  | 0,0 %<br>(0/1)   | 0,4 %<br>(1/228)   |



Mandibularlymphknoten mit einem Durchmesser von bis zu 1,0 cm, konnte *C. ulcerans* isoliert werden (Tab. 3). Die Kulturen zeigten nach 72 Stunden Bebrütung weißliche, unregelmäßige, trockene, kreideähnliche Kolonien mit schmaler Hämolysezone auf Blutagar. Der umgekehrte CAMP-Test mit *Staphylococcus aureus* zum Nachweis des Exotoxins Phospholipase D fiel positiv aus (FUNKE et al., 1997). Mit *Rhodococcus equi* zeigten die Isolate ein CAMP-ähnliches Phänomen der Hämolyseverstärkung. Der Vergleich der 16S-rDNA Gensequenzen mit BLASTN zeigte 99–100%ige Übereinstimmung mit den Nukleotidsequenzen von *C. ulcerans*. Das Ergebnis der Analyse mittels MALDI-TOF MS bestätigte die Speciesidentifizierung als *C. ulcerans* (KONRAD et al., 2010). Im API<sup>®</sup> Coryne wurden die Wildschwein-Isolate, wie bei anderen Untersuchern, irreführend als *C. pseudotuberculosis* identifiziert (CONTZEN et al., 2011; EISENBERG et al., 2014). Bei 23 Wildschweinen (10,1 %) wurde in den eitrigen Läsionen *Streptococcus porcinus* nachgewiesen, in drei Fällen gemeinsam mit *B. suis* Biovar 2 und in einem Fall gemeinsam mit *C. ulcerans*. Bei drei Wildschweinen (1,3 %) wurden entzündliche Veränderungen der Lymphknoten durch *Rhodococcus equi* und bei einem Wildschwein (0,4 %) durch *Actinomyces hyovaginalis* verursacht (Tab. 3).

## ■ Diskussion

In unserer Studie wurde eine große Anzahl freilebender Wildschweine aus mehreren österreichischen Bundesländern auf diverse zoonotische Bakterien untersucht, um ein gut gesichertes Datenmaterial über Vorkommen und Verbreitung dieser pathogenen Keime in der österreichischen Wildschweinpopulation zu bekommen. Da der überwiegende Teil (98 %) der untersuchten Tiere aus den beiden Bundesländern Niederösterreich und Burgenland stammte (Tab. 1), in welchen fast 87 % der Wildschweine in Österreich erlegt werden (STATISTIK AUSTRIA, 2016), betreffen Aussagen dieser Untersuchung primär den Gesundheitsstatus der Wildschweinpopulation dieser zwei Bundesländer. Aufgrund des zur Verfügung stehenden Materials (Wildschweinköpfe) waren die bakteriologischen Untersuchungen nur auf Tonsillargewebe und die beiden Mandibularlymphknoten beschränkt und beinhalteten keine weiteren parenchymatöse Organe oder Proben aus dem Verdauungstrakt. Für eine aussagekräftige Studie war das Untersuchungsmaterial aus unserer Sicht dennoch gut geeignet, da auch in anderen Studien diverse Körperlymphknoten zum Nachweis von Corynebakterien und Brucellen (HOFER et al., 2010; CONTZEN et al., 2011), im Besonderen aber Tonsillargewebe für die bakteriologische Abklärung des Salmonellenstatus bei Wildschweinen (GRAY et al., 1996; WACHECK et al., 2010; SARNO et al., 2012; SANNÖ et al., 2014) verwendet wurde.

Bei 11,2 % der untersuchten österreichischen Wildschweine konnten Salmonellen aus Tonsillargewebe isoliert werden. Dieser zunächst hoch scheinende Prozentwert wird im Vergleich mit der Literatur relativiert und ist nicht überraschend. Beispielsweise konnten Salmonellen in Norditalien bei 24,8 % (CHIARI et al., 2013), in der Schweiz bei 5,5 % (WACHECK et al., 2010), in Schweden bei 10,0 % (SANNÖ et al., 2014) und in Portugal bei 22,1 % (VIEIRA-PINTO et al., 2011) der Wildschweine nachgewiesen werden. In einer serologischen Studie in Slowenien wurden spezifische Antikörper gegen Salmonellen sogar bei 47,0 % (VENGUST et al., 2006), im Nordosten von Spanien bei 11,3 % dieser Wildtiere gefunden (CLOSA-SEBASTIÁ et al., 2011). Die hohen Infektionsraten begründen sich einerseits durch die omnivalente Nahrungsaufnahme von Wildschweinen, welche einen Kontakt mit zahlreichen potentiellen Infektionsquellen ermöglicht. Diesbezüglich sind Wildschweine ideale Indikatortiere für die Kontamination der Umwelt mit Salmonellen (WACHECK et al., 2010). Andererseits zirkulieren in der Wildschweinpopulation tierspezifische Salmonellen, deren Infektionskreislauf durch latent infizierte Ausscheider aufrechterhalten wird (METHNER et al., 2010; VIEIRA-PINTO et al., 2011; CHIARI et al., 2013).

Als häufigster Serotyp konnte in unseren Untersuchungen bei 7,2 % aller Wildschweine *S. Choleraesuis* nachgewiesen werden. Dies ist ein an Schweine adaptiertes invasives Serovar (REED et al., 1986), welches bei Hausschweinen in Europa sehr selten gefunden wird (EFSA, 2016). Bei Wildschweinen verursacht es Krankheitsausbrüche mit hoher Mortalität (PEREZ et al., 1999; CONEDERA et al., 2014), aber auch Nachweise von latent infizierten Tieren liegen vor (GRAY et al., 1996; METHNER et al., 2010). Bei Zucht- und Hausschweinen in Österreich existiert dieses Serovar nicht (KOSTENZER et al., 2014; KREINÖCKER et al., 2017). Für Menschen ist dieser nichttyphoide Serotyp hoch pathogen, wobei oft Krankheitsbilder mit schweren septischen Verlaufsformen beobachtet werden (CHIU et al., 2004). Laut Aufzeichnungen der österreichischen Referenzzentrale für Salmonellen in Graz wurden in Österreich im Zeitraum von 1996–2016 insgesamt 41 humane Salmonellenisolate als *S. Choleraesuis* serotypisiert. Inwieweit diese humanen Erkrankungsfälle in einem direkten oder indirekten Zusammenhang zu Wildschweinen stehen oder beispielsweise im Zuge einer Auslandsreise erworben wurden ist unklar, da hierüber keine weiteren epidemiologischen Daten in der Salmonellenzentrale vorliegen (KORNSCHÖBER, 2017). Ansteckungsmöglichkeiten für Menschen sind durch Kontakt mit infiziertem Schwarzwild (beispielsweise Jagdpersonal im Zuge des Ausweidens) oder durch den Verzehr von Wildfleisch oder Wildfleischprodukten, welche von infizierten Tieren stammen oder im Zuge eines Herstellungs- oder

Veredelungsprozesses mit Salmonellen kontaminiert wurden, gegeben (HILBERT et al., 2012; PAULSEN et al., 2012). Im Vergleich zu *S. Choleraesuis* wurden andere Salmonellen-Serovare nur in insgesamt 4 % des Untersuchungsmaterials nachgewiesen, wobei das Vorkommen der einzelnen typisierten Serovare Übereinstimmung zeigt mit den Daten von Erhebungen aus anderen europäischen Ländern (ZOTTOLA et al., 2012; CHIARI et al., 2013; SANNÖ et al., 2014). Ob alle Wildschweine mit positiven Salmonellennachweis, insbesondere die 35 *S. Choleraesuis*-positiven Tiere in unserem Untersuchungsmaterial latent infiziert waren, oder ob sich darunter auch Tiere mit klinischer Manifestation befanden, bleibt unklar. Grundsätzlich ist aber davon auszugehen, dass die Tiere nur latent infiziert waren, da der Erleger eines Wildschweins mittels Unterschrift dokumentieren muss, dass von ihm keine auffälligen Merkmale vor und nach dem Schuss, im Besonderen im Zuge des Ausweidens des Tierkörpers, festgestellt wurden. In weiterer Folge müssen aufgrund der gesetzlichen Vorschriften Organe und Wildkörper noch von einer kundigen Person und von einem amtlichen Tierarzt im Wildbearbeitungsbetrieb auf ihre gesundheitliche Unbedenklichkeit hin untersucht werden (Verordnung (EG) Nr. 853/2004; Verordnung (EG) Nr. 854/2004). Inwieweit Salmonellen bei Wildschweinen mit positivem Nachweis in Tonsillen auch im Tierkörper nachgewiesen werden können und somit Fleisch dieser Tiere eine Gefährdung für den Konsumenten darstellt, kann hier nicht beantwortet werden, da von uns diesbezüglich keine weiteren Untersuchungen durchgeführt wurden und auch keine Hinweise in der Fachliteratur vorliegen.

*B. suis* Biovar 2 wurde in 5,2 % des Untersuchungsmaterials nachgewiesen. Dieses Biovar kommt bei Wildschweinen und Feldhasen in Österreich endemisch vor (HOFER et al., 2010). Seuchenausbrüche bei Hausschweinen werden in Europa nur sporadisch gemeldet (EFSA, 2009). In Österreich wurden Ausbrüche bei Zuchtsauen 2003 in Niederösterreich sowie 2004 und 2017 in Oberösterreich nachgewiesen (HOFER, 2017). In Endemiegebieten ist die Möglichkeit einer Übertragung von Erregern von Wildtieren auf Hausschweine besonders bei der Freilandhaltung von Hausschweinen gegeben. Der Erreger kann aber auch mit kontaminiertem Grünfutter oder einem chronisch infizierten Eber in einen Zuchtsauenbestand eingeschleppt werden. Die nicht sichere Entsorgung von Abfällen erlegter Wildschweine und Feldhasen stellt ebenfalls einen Risikofaktor für einen Eintrag in die Nutztierpopulation dar. Während *B. suis* Biovar 2 nur eine geringe Pathogenität für den Menschen besitzt, ist *B. suis* Biovar 1, die bei Wild- und Haustieren in Kroatien nachgewiesen wurde (GODFROID et al., 2013), für Menschen hoch pathogen. *B. microti* und *B. vulpis*, deren Vorkommen bei Rotfüchsen in Niederösterreich bestätigt ist (SCHOLZ et al., 2009, 2016; AL DAHOUK

et al., 2012; HOFER et al., 2012), konnten in unserer Studie nicht isoliert werden. Während die 2016 neu beschriebene Species *B. vulpis* bisher nur 2008 bei zwei Rotfüchsen im Bezirk Hollabrunn in Niederösterreich nachgewiesen wurde, konnte die ursprünglich 2000 in Tschechien bei Feldmäusen (*Microtus arvalis*) und ab 2007 auch bei Rotfüchsen in Niederösterreich isolierte neue Species *B. microti* 2014 erstmals auch bei einem Wildschwein nahe der österreichischen Grenze in Ungarn aus den Mandibularlymphknoten isoliert werden (RÓNAI et al., 2015). Wildschweine und Rotfüchse infizieren sich vermutlich oral durch die Aufnahme von erkrankten oder verendeten Feldmäusen mit dem Erreger.

*C. ulcerans*, ein Bakterium aus der „*C. diphtheriae*-Gruppe“ (FUNKE et al., 1997), verursacht bei Wildschweinen Pseudotuberkulose-ähnliche Lymphadenitiden (CONTZEN et al., 2011). Bis dato wurde dieser potentielle Zoonoseerreger aus Haus- oder Wildtieren in Österreich noch nicht isoliert. Insofern überrascht der hohe Wert von 11,4 % positiv untersuchter Wildschweine in unserer Studie. Für Übertragungen von Wildtieren auf den Menschen gibt es bisher noch keine Hinweise (EISENBERG et al., 2014), während eine zoonotische Infektion durch Kontakt mit Hausschweinen in der Literatur jedoch beschrieben ist (SCHUHEGGER et al., 2009).

Neben Zoonoseerregern wurden in der vorliegenden Studie aus eitrig veränderten Lymphknoten auch *Streptococcus porcinus*, *Rhodococcus equi* und *Actinomyces hyovaginalis* isoliert. Von diesen wurde am häufigsten *Streptococcus porcinus* bei 10,1 % der untersuchten Wildschweine festgestellt. Der Nachweis dieser Eitererreger unterstreicht, dass die Mandibularlymphknoten bei Wildschweinen ein geeignetes Untersuchungsmaterial für die Untersuchung auf bakterielle Eiter- und Zoonoseerreger darstellen.

### Danksagung

Diese Studie wurde von der Zentralstelle Österreichischer Landesjagdverbände finanziell unterstützt.

### Fazit für die Praxis:

Die Ergebnisse der vorliegenden Untersuchung dokumentieren die Bedeutung von Wildschweinen in Österreich als Indikatortiere für bestimmte zoonotische Bakterien sowie als Erregerreservoir und mögliche Infektionsquelle für den Menschen und Haus- und Wildtiere. Wildtiergesundheits-Überwachungssysteme sollten in Zukunft gerade bei Wildschweinen regelmäßig durchgeführt werden, um die gewonnenen wissenschaftlichen Erkenntnisse laufend zu adaptieren. Dadurch kann ein wichtiger Beitrag für künftige Vorbeugungs- und Vermeidungsstrategien von zoonotischen und anderen Krankheitserregern bei dieser Wildtierart geleistet werden.

## Literatur

- AL DAHOUC, S., HOFER, E., TOMASO, H., VERGNAUD, G., LE FLÈCHE, P., CLOECKAERT, A., KOYLASS, M.S., WHATMORE, A.M., NOECKLER, K., SCHOLZ, H.C. (2012): Intraspecies Biodiversity of the genetically homologous species *Brucella microti*. *Appl Environ Microbiol* **78**, 1534–1543.
- ALTON, G.G., JONES, L.M., ANGUS, R.D., VERGER, J.M. (1988): Techniques for the brucellosis laboratory. Institut National de la Recherche Agronomique, Paris, 13–61.
- CHIARI, M., ZANONI, M., TAGLIABUE, S., LAVAZZA, A., ALBORALI, L. (2013): *Salmonella* serotypes in wild boars (*Sus scrofa*) hunted in northern Italy. *Acta Vet Scan* **55**, 42.
- CHIU, C., SU, L., CHU, C. (2004): *Salmonella enterica* Serotype *Choleraesuis*: Epidemiology, Pathogenesis, Clinical Disease, and Treatment. *Clin Microbiol Rev* **17**, 311–322.
- CLOSA-SEBASTIÁ, F., CASAS-DIAZ, E., CUENCA, R., LAVIN, S., MENTABERRE, G., MARCO, I. (2011): Antibodies to selected pathogens in wild boar (*Sus scrofa*) from Catalonia (NE Spain). *Eur J Wildl Res* **57**, 977–981.
- CONEDERA, G., USTULIN, M., BARCO, L., BREGOLI, M., RE, E., VIO, D. (2014): Outbreak of atypical *Salmonella Choleraesuis* in wild boars in North Eastern Italy. In: PAULSEN, P., BAUER, A., SMULDERS, F.J.M. [Hrsg.]: Trends in game meat hygiene: From forest to fork. Wageningen Academic Publishers, 151–158.
- CONTZEN, M., STING, R., BLAZEY, B., RAU, J. (2011): *Corynebacterium ulcerans* from diseased wild boars. *Zoonoses Public Health* **58**, 479–488.
- EFSA (2009): Scientific Opinion of the Panel on Animal Health and Welfare (AHAW) on a request from the Commission on porcine brucellosis (*Brucella suis*). *EFSA Journal* **1144**, 11–112.
- EFSA (2016): The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2015. *EFSA Journal* **14**, 4634. doi: 10.2903/j.efsa.2016.4634
- EISENBERG, T., KUTZER, P., PETERS, M., SING, A., CONTZEN, A., RAU, J. (2014): Nontoxicogenic tox-bearing *Corynebacterium ulcerans* infection among game animals, Germany. *Emerg Infect Dis* **20**, 448–452.
- FUNKE, G., von GRAEVENITZ, A., CLARRIDGE 3rd J.E., BERNARD, K.A. (1997): Clinical microbiology of coryneform bacteria. *Clin Microbiol Rev* **10**, 125–159.
- GAVIER-WIDEN, D., GORTAZAR, C., STAHL, K., NEIMANIS, A.S., ROSSI, S., HARD AV SEGERSTAD, C., KUIKEN, T. (2015): African swine fever in wild boar in Europe: A notable challenge. *Vet Rec* **176**, 199–200.
- GODFROID, J., GARIN-BASTUJI, B., SAEGERMAN, C., BLASCO, J.M. (2013): Brucellosis in terrestrial wildlife. *Rev Sci Tech Off Int Epiz* **32**, 27–42.
- GORTAZAR, C., FERROGLIO, E., HOEFLE, U., FROELICH, K., VINCENTE, J. (2007): Diseases shared between wildlife and livestock: a European perspective. *Europ J Wildl Res* **53**, 241–256.
- GRAY, J., FEDORKA-CRAY, P., STABEL, T., KRAMER, T. (1996): Natural Transmission of *Salmonella choleraesuis* in Swine. *Environmental Microbiol* **62**, 141–146.
- GRIMONT, P.A., WEILL, F.X. (2007): Antigenic formulae of the *Salmonella* Serovars. WHO Collaborating Centre for Reference and Research on *Salmonella*. Institut Pasteur, Paris, Frankreich.
- HILBERT, F., SMULDERS, F.J.M., CHOPRA-DEWASTHALY, R., PAULSEN, P. (2012): *Salmonella* in the wildlife-human interface. *Food Res Int* **45**, 603–608.
- HOFER, E. (2017): Persönl. Mitteilung.
- HOFER, E. (2009): Microbiological diagnosis of *Brucella* spp. and Austrian epidemiology of brucellosis (*B. suis* biovar 2). Workshop “Dangerous Pathogens” and Leptospirosis, Vienna, Austria. [http://www.rki.de/EN/Content/infections/Diagnostics/IntDiagnosticProjects/ENHPB/Meetings/Meetings\\_node.html](http://www.rki.de/EN/Content/infections/Diagnostics/IntDiagnosticProjects/ENHPB/Meetings/Meetings_node.html)
- HOFER, E., REISP, K., REVILLA-FERNÁNDEZ, S., PLICKA, H., ROMANEK, G., BAGÓ, Z., WINTER, P., KÖFER, J. (2010): Isolierung von *Francisella tularensis* und *Brucella suis* beim Rotfuchs. *Tierarztl Umsch* **65**, 229–232.
- HOFER, E., REVILLA-FERNÁNDEZ, S., AL DAHOUC, S., RIEHM, J.M., NOECKLER, K., ZYGMUNT, M. S., CLOECKAERT, A., TOMASO, H., SCHOLZ, H. C. (2012): A potential novel *Brucella* species isolated from mandibular lymph nodes of red foxes in Austria. *Vet Microbiol* **155**, 93–99.
- ISO – INTERNATIONAL ORGANIZATION FOR STANDARDIZATION (2007): ISO 6579:2002/Amd 1:2007 (Annex D). Detection of *Salmonella* spp. in animal faeces and in samples of the primary production stage – Horizontal method for the detection of *Salmonella* spp., International Organization for Standardization, Genf, Schweiz.
- KONRAD, R., BERGER, A., HUBER, I., BOSCHERT, V., HÖRMANSDORFER, S., BUSCH, U., HOGARDT, M., SCHUBERT, S., SING, A. (2010): Matrix-assisted laser desorption/ionisation time-of-flight (MALDI-TOF) mass spectrometry as a tool for rapid diagnosis of potentially toxigenic *Corynebacterium* species in the laboratory management of diphtheria-associated bacteria. *Euro Surveill* **15**(43):pii=19699. <http://www.eurosurveillance.org/ViewArticle.aspx?ArticleId=19699>
- KORNSCHOBBER, C. (2017): Persönl. Mitteilung.
- KOSTENZER, K., MUCH, P., KORNSCHOBBER, C., LASSNIG, H., KÖFER, J. (2014): Umsetzung und Ergebnisse der EU-weiten Grundlagenerhebung zur Prävalenz von *Salmonella* spp. in

- Schlacht- und Zuchtschweinen in Österreich. Berl Münch Tierärztl 127, 10–17.
- KREINÖCKER, K., SATTLER, T., HAGMÜLLER, W., HENNIG-PAUKA, I., SCHMOLL, F. (2017): Vorkommen von Antikörpern gegen Toxoplasmen, Leptospiren und PRRSV sowie von Salmonellen und *Ascaris suum* in biologischen Mastschweinebetrieben in Österreich. Wien Tierärztl Monat – Vet Med Austria 104, 221–228.
- MASSEI, G., KINDBERG, J., LICOPPE, A., GACIC, D., SPREM, N., KAMLER, J., BAUBET, E., HOHMANN, U., MONACO, A., OZOLINS, J., CELLINA, S., PODGORSKI, T., FONSECA, C., MARKOV, N., POKORNY, B., ROSELL, C., NAHLIK, A. (2015): Wild boar populations up, numbers of hunters down? A review of trends and implications for Europe. Pest Manag Sci 71, 492–500.
- MENG, X.J., LINDSAY, D.S., SRIRANGANATHAN, N. (2009): Wild boars as sources for infectious diseases in livestock and humans. Philos T Roy Soc Lond B 364, 2697–2707.
- METHNER, U., HELLER, M., BOCKLISCH, H. (2010): *Salmonella enterica* subspecies *enterica* serovar *Choleraesuis* in a wild boar population in Germany. Eur J Wildl Res 56, 493–502.
- OIE – WORLD ORGANIZATION FOR ANIMAL HEALTH (2016): Manual of diagnostic tests and vaccines for terrestrial animals. Chapter 2.9.8. Salmonellosis. OIE, Paris, Frankreich. <http://www.oie.int/international-standard-setting/terrestrial-manual/access-online/>
- PAULSEN, P., SMULDERS, F.J.M., HILBERT, F. (2012): *Salmonella* in meat from hunted game: a central Europe perspective. Food Res 45, 609–616.
- PÉREZ, J., ASTORGA, R., CARRASCO, L., MENDEZ, A., PEREA, A., SIERRA, MA. (1999): Outbreak of salmonellosis in farmed European wild boars (*Sus scrofa ferus*). Vet Rec 145, 464–465.
- REED, W.M., OLANDER, H.J., THAKER, H.L. (1986): Studies on the pathogenesis of *Salmonella typhimurium* and *Salmonella choleraesuis* var *kunzendorf* infection in weanling pigs. Am J Vet Res 47, 75–83.
- RÓNAI, Z., KREIZINGER, Z., DÁN, Á., DREES, K., FOSTER, J. T., BÁNYAI, K., MARTON, S., SZEREDI, L., JÁNOSI, S., GYURANECZ, M. (2015). First isolation and characterization of *Brucella microti* from wild boar. BMC Vet Res 11 147. <http://doi.org/10.1186/s12917-015-0456-z>
- SANNÖ, A., ASPÁN, A., HESTVIK, G., JACOBSON, M. (2014): Presence of *Salmonella* spp., *Yersinia enterocolitica*, *Yersinia pseudotuberculosis* and *Escherichia coli* O157:H7 in wild boars. Epidemiol Infect 142, 2542–2547.
- SARNO, E., STEPHAN, R., ZWEIFEL, C. (2012): Occurrence of *Erysipelothrix* spp., *Salmonella* spp., and *Listeria* spp. in tonsils of healthy Swiss pigs at slaughter. Arch Lebensmittelhygiene 63, 11–15.
- SCHOLZ, H.C., HOFER, E., VERGNAUD, G., LE FLÈCHE, P., WHATMORE, A.M., AL DAHOUK, S., PFEFFER, M., KRÜGER, M., CLOECKAERT, A., TOMASO, H. (2009): Isolation of *Brucella microti* from mandibular lymph nodes of red foxes, *Vulpes vulpes*, in Lower Austria. Vector Borne Zoonotic Dis 9, 153–156.
- SCHOLZ, H.C., REVILLA-FERNÁNDEZ, S., AL DAHOUK, S., HAMMERL, J.A., ZYGMUNT, M.S., CLOECKAERT, A., KOYLASS, M., WHATMORE, A.M., BLOM, J., VERGNAUD, G., WITTE, A., AISTLEITNER, K., HOFER, E. (2016): *Brucella vulpis* sp. nov., a novel *Brucella* species isolated from mandibular lymph nodes of red foxes (*Vulpes vulpes*) in Austria. Int J Syst Evol Microbiol 66, 2090–2098.
- SCHUHEGGER, R., SCHOERNER, C., DLUGAICYK, J., LICHTENFELD, I., TROUILLIER, A., ZELLER-PERONNET, V., BUSCG, U., BERGER, A., KUGLER, R., HOERMANSDORFER, S., SING, A. (2009): Pigs as source for toxigenic *Corynebacterium ulcerans*. Emerg Infect Dis 15, 1314–1315.
- STATISTIK AUSTRIA (2016): [http://www.statistik.at/web\\_de/statistiken/wirtschaft/land\\_und\\_forstwirtschaft/viehbestand\\_tierische\\_erzeugung/jagd/index.html](http://www.statistik.at/web_de/statistiken/wirtschaft/land_und_forstwirtschaft/viehbestand_tierische_erzeugung/jagd/index.html)
- VENGUST, G., VALENCÁK, Z., BIDOVEC, A. (2006): A serological survey of selected pathogens in wild boar in slovenia. J Vet Med B 53, 24–27.
- VETTER, S.G., RUF, T., BIEBER, C., ARNOLD, W. (2015): What is a mild winter? regional differences in within-species responses to climate change. PLOS ONE 10 (7): e0132178. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0132178>.
- VIEIRA-PINTO, M., MORAIS, L., CALEJA, C., THEMUDO, P., ARANHA, J., TORRES, C., IGREJAS, G., POETA, P., MARTINS, C. (2011): *Salmonella* spp. in wild boar (*Sus scrofa*): a public and animal health concern. In: PAULSEN, P., BAUER, A., VODNANSKY, M., WINKELMAYER, R., SMULDERS, F.J.M. [Hrsg.]: Game meat hygiene in focus: Microbiology, epidemiology, risk analysis and quality assurance. Wageningen Academic Publishers, 131–136.
- WACHECK, S., FREDERIKSSON-AHOMAA, M., KÖNIG, M., STOLLE, A., STEPHAN, R. (2010): Wild boars as an important reservoir for foodborne pathogens. Foodborne Pathogens and Disease 7, 307–312.
- WEINDL, L., FRANK, E., ULLRICH, U., HEURICH, M., KLETA, S., ELLERBROEK, L., GAREIS, M. (2016): *Listeria monocytogenes* in different specimens from healthy red deer and wild boars. Foodborne Pathogens and Disease 13, 391–397.
- ZOTTOLA, T., MONTAGNARO, S., MAGNAPERLA, C., SASSO, S., DE MARTINO, L., BRAGAGNOLO, A., D'AMICI, L., CONDOLEO, R., PISANELLI, G., IOVANE, G., PAGNINI, U. (2012): Prevalence and antimicrobial susceptibility of *Salmonella* in European wild boar (*Sus scrofa*); Latium Region – Italy; Comp. Immunol Microbiol Infect Dis 36, 161–168.

## Rechtsnormen

### 2004

VERORDNUNG (EG) NR. 853/2004 DES EUROPÄISCHEN PARLAMENTS UND DES RATES vom 29. April 2004 mit spezifischen Hygienevorschriften für Lebensmittel tierischen Ursprungs. Amtsblatt der Europäischen Union, L 139/55.

### 2004

VERORDNUNG (EG) Nr. 854/2004 DES EUROPÄISCHEN PARLAMENTS UND DES RATES vom 29. April 2004 mit besonderen Verfahrensvorschriften für die amtliche Überwachung von zum menschlichen Verzehr bestimmten Erzeugnissen tierischen Ursprungs. Amtsblatt der Europäischen Union, L 139.

### 2006

108. Verordnung des Bundesministeriums für Gesundheit und Frauen über die Direktvermarktung von Lebensmitteln (Lebensmittelhygiene-Direktvermarktungsverordnung). Ausgegeben am 10. März 2006, Teil II, i.d.g.F.