

Bioaerosolmessungen in einem Hühnermastabteil über den Zeitraum einer Mastperiode



Herbert Galler¹, Tea Mišković¹, Juliana Habib¹, Michael Kropsch³, Peter Pless², Franz F. Reinthaler¹, Martin Stonitsch¹, Eduard Zentner³, Doris Haas¹
¹D&F Institut für Hygiene, Mikrobiologie und Umweltmedizin, Neue Stiftungsstraße 6, ZWT, Graz, Österreich
²Amstlerarzt, Amt der Steiermärkischen Landesregierung, Graz, Österreich
³HBLFA Raumberg-Gumpenstein, Institut für Tier, Technik & Umwelt, Irdning-Donnersbachtal, Österreich

Hintergrund

In Österreich werden sowohl Legehennen- als auch Hühnermastbetriebe geführt, in denen im Jahr 2015 zusammen rund 15 Millionen Hühner gehalten wurden. Masthühner werden vorwiegend in zwangsbelüfteten Ställen gehalten, wobei ein optimales Umgebungs- und Arbeitsklima für Tier und Mensch geschaffen werden soll, indem die Schadstoffbelastung durch bauliche Gestaltung und richtige Belüftung reduziert wird. Stallaerosole, eine Suspension aus Gasen und Partikeln, bestehen in erster Linie aus organischen und anorganischen Staubpartikeln an deren Oberfläche Mikroorganismen oder Pollen gebunden sind.

Ziel

In einem Geflügelmastbetrieb wurde die mikrobielle Diversität der Stallluft und die Luftqualität im Zeitraum zweier Mastperioden untersucht. Das Hauptaugenmerk der Untersuchungen wurde auf die Staphylokokken inkl. *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*) gelegt, welche als Leitparameter in der VDI Richtlinie 4253 Blatt 3 definiert sind. Des Weiteren wurde die Gesamtbakterienkonzentration erfasst und Hautabstriche unter den Flügeln der Tiere genommen.

Material und Methode

Die Bioaerosolmessungen wurden in einem steirischen Hühnermastbetrieb mit einer Stückzahl von 420 Tieren vorgenommen. Im Zeitraum von November bis Dezember 2018 wurden die ersten fünf Messungen einmal wöchentlich durchgeführt. Von Februar bis März 2019 folgten fünf weitere Messungen in einer erneuten Mastperiode (Abb. 1).



Abb. 1: Geflügelstall und Ort der Probenahme (Quelle: M. Kropsch)

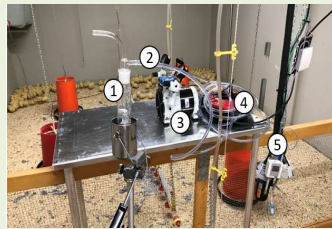


Abb. 2: Geräteaufbau der Probenahme (1 AGI-30, 2 Vakuumschlauch, 3 Pumpe, 4 Stromquelle, 5 Sensoren) (Quelle: M. Kropsch)

Die Probennahme im Stall erfolgte in 1,5 m über dem Bodenniveau mit einem sterilem AGI-30 Impinger, welcher mit 30 ml Phosphatgepufferter Salzlösung gefüllt war (Abb. 2, 3). Für die Aufarbeitung der Proben wurden verschiedene Nährmedien, wie TSA+Cycloheximid für die Gesamtbakterien, MAN für Staphylokokken und SAIDE Agar zur Identifizierung von *S. aureus* herangezogen (Abb. 4). Nach der Inkubation (48 h, 37°C) erfolgte die Auszählung der Kolonien. Die ausgewählten Einzelkolonien wurden mittels MALDI-TOF MS (matrix-assisted laser desorption/ionization time-of-flight mass spectrometry) qualitativ analysiert und identifiziert. Danach erfolgte eine Antibiotikaresistenztestung nach EUCAST und eine *spa*-Typisierung der gefundenen *S. aureus* Isolate.



Abb. 3: AGI-Impinger (fishersci.com, bearbeitet von Köck)

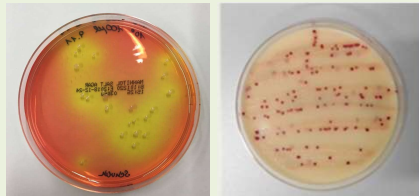


Abb. 4: MAN- und SAIDE Agar bebrütet (@Köck)

Zusätzlich wurden bei der ersten und zweiten Messperiode Abstriche von der Haut unter den Flügeln zufällig ausgewählter Hühner genommen, um die Hautflora der Tiere auf *S. aureus* zu untersuchen.

Ergebnis

Bei Messserie 1 startete die erste Messung am 4. Lebenstag der Küken. Die Gesamtbakterienkonzentration lag bei $7,8 \times 10^4$ KBE/m³ und damit etwas höher im Vergleich zur zweiten Messung am 10. Messtag. Am 25. Lebenstag der Küken erfolgte die vierte Messung, bei der ein Anstieg der Bakterienkonzentration auf $1,2 \times 10^8$ KBE/m³ beobachtet wurde. Die fünfte und letzte Messung fand am Ende der Mast statt; die Konzentration lag bei $1,4 \times 10^8$ KBE/m³. Bei Messserie 2 war zu Beginn der Messungen die Konzentration mit Werten von $2,5 \times 10^7$ KBE/m³ im mittleren Bereich und stieg in den folgenden Messungen auf einen Wert von $4,9 \times 10^7$ KBE/m³ an. In der fünften und letzten Messung lag die Konzentration der Gesamtbakterien bei $4,2 \times 10^7$ KBE/m³ (Abb. 5, 6).



Abb. 5 und 6: Gesamtbakterienkonzentration der beiden Messerien

Die Staphylokokken Konzentration stieg bei Messerie 1 von 0 KBE/m³ auf $4,9 \times 10^7$ KBE/m³ mit steigendem Gewicht der Tiere. Ab der 4. Messung, d. h. am 25. Masstag, war ein Anstieg der Gesamtkeimkonzentration von $1,1 \times 10^8$ KBE/m³ zu beobachten. Dieser Wert verringerte sich am fünften Messtag um eine 10er Potenz. Bei Messerie 2 war in der Anfangsphase noch kein Wachstum der Staphylokokken zu erkennen; die Anzahl der Staphylokokken stieg bei Messung drei von 0 KBE/m³ auf $7,4 \times 10^6$ KBE/m³ und anschließend bis auf $3,3 \times 10^7$ KBE/m³. Die fünfte und letzte Messung erfolgte am letzten Lebenstag des Geflügels und der errechnete Wert betrug $2,1 \times 10^7$ KBE/m³ (Abb. 7, 8).



Abb. 7 und 8: Staphylokokkenkonzentration der beiden Messerien

Die qualitative Auswertung in der Abb. 9 zeigt den prozentuellen Anteil der einzelnen, nachgewiesenen Staphylokokkenarten der Messerien 1 und 2. Es ist erkennbar, dass der Großteil der untersuchten Bakterienkolonien auf die Begleitflora fällt. Unter den Staphylokokken (41 %) sind die häufigsten Vertreter *Staphylococcus xylosum* mit 18 % und *Staphylococcus saprophyticus* mit 13 % zu nennen.

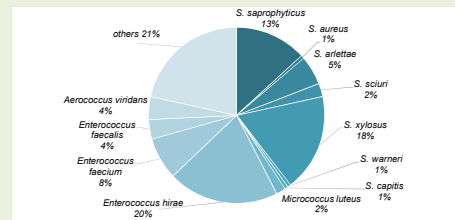


Abb. 9: Identifizierte Bakterienarten der 1. und 2. Messerie (n=162)

Von den Abstrichproben der Masthühner konnte ein *S. aureus* isoliert werden. Dieses Isolat war ein MSSA-Stamm mit dem *spa*-Typ t012, welcher gegenüber allen getesteten Antibiotika nach EUCAST V9.0 sensitiv war.

	P	FOX	TE	E	CC	NOR	GM	SXT	FA	RA	LZD	MUP
S ≥	26	22	22	21	22	17	18	17	24	26	21	30
R <	26	22	19	18	19	17	18	14	24	23	21	18
<i>spa</i> -Typ	P	FOX	TE	E	CC	NOR	GM	SXT	FA	RA	LZD	MUP
t012	0	27	24	25	25	25	23	29	31	34	25	32

Abb. 10: Grenzwerte nach EUCAST V9.0 und Antibiogramm des *S. aureus* Isolates
 Penicillin (P), Cefoxitin (FOX), Tetracyclin (TE), Erythromycin (E), Clindamycin (CC), Norfloxacin (NOR), Gentamicin (GM), Trimethoprim/Sulfamethoxazol (SXT), Rifampicin (RA), Fusidinsäure (FA), Linezolid (LZD), Mupirocin (MUP)

Diskussion und Zusammenfassung

Die Ergebnisse der ersten und zweiten Messerie zeigten den nahezu gleichen Verlauf bezüglich Gesamtbakterien- und Staphylokokkenkonzentrationen in der Stallluft. Der ähnliche Verlauf der Bakterienkonzentrationen während der Mastzeit könnte durch die Stall- und Haltungsbedingungen erklärt werden, die bei beiden Mastdurchgängen gleich waren. Die rasante Gewichtszunahme der Masthühner ab der dritten Mastwoche könnte den enormen Anstieg der Gesamtbakterienkonzentration bewirkt haben. Der plötzliche Anstieg der Staphylokokken-Konzentration von 0 KBE/m³ auf $5,2 \times 10^2$ KBE/m³ in der ersten bzw. $7,4 \times 10^6$ KBE/m³ in der zweiten Messerie könnte sowohl durch die Zunahme der Körperoberfläche als auch durch die vermehrte Bewegungsaktivität der Tiere und die damit aufgewirbelte Einstreu bedingt sein. Am Ende der Mast haben die Hühner in kürzester Zeit stark an Größe und Masse und damit an Körperoberfläche gewonnen, womit den Bakterien ein ideales Habitat zur Verfügung steht.

Die am häufigsten nachgewiesenen Staphylokokken in der Stallluft waren *S. saprophyticus* und *S. xylosum*. Das Antibiogramm und die *spa*-Typisierung ergab einen Methicillin sensiblen *S. aureus*-Stamm mit dem *spa*-Typ t012. Eine Veränderung der bakteriellen Zusammensetzung in der Stallluft mit steigendem Alter und gewichtsfortschreitender Mastzeit des Geflügels konnte sich bestätigen.