

Zeitschrift:	Schweizer Archiv für Tierheilkunde SAT : die Fachzeitschrift für Tierärztinnen und Tierärzte = Archives Suisses de Médecine Vétérinaire ASMV : la revue professionnelle des vétérinaires
Herausgeber:	Gesellschaft Schweizer Tierärztinnen und Tierärzte
Band:	142 (2000)
Heft:	4
Artikel:	Die Rolle des Gemeinen Stars (<i>Sturnus vulgaris</i>) in der Epidemiologie bakterieller, potentiell humanpathogener Krankheitserreger
Autor:	Gautsch, S. / Odermatt, P. / Burnens, A.-P.
DOI:	https://doi.org/10.5169/seals-590611

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. [Mehr erfahren](#)

Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. [En savoir plus](#)

Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. [Find out more](#)

Download PDF: 11.01.2026

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, <https://www.e-periodica.ch>

Die Rolle des Gemeinen Stars (*Sturnus vulgaris*) in der Epidemiologie bakterieller, potentiell humanpathogener Krankheitserreger

S. Gautsch¹, P. Odermatt², A.-P. Burnens³, J. Bille⁴, R. Ewald¹

¹Kantonales Laboratorium, Basel, ²Schweizerisches Tropeninstitut, Basel, ³Nationales Zentrum für Enteropathogene Erreger, Bern, ⁴Centre National de Référence des Listeria, Lausanne

Zusammenfassung

Eine Parkanlage in Basel ist seit längerem als Sammel- und Übernachtungsareal des Gemeinen Stars bekannt. Die Tiere führen dabei zu einer enormen Verunreinigung der Anlage und des angrenzenden Quartiers mit Vogelkot. Ein Kindergarten und eine Primarschule sind davon direkt betroffen. Zur Beurteilung der vom Starenkot ausgehenden gesundheitlichen Gefährdung der Bevölkerung, insbesondere der Kinder, und Abklärung der Bedeutung des Stars als Krankheitsüberträger auf den Menschen und seiner Rolle in der Epidemiologie menschlicher Erkrankungen wurde das Vorkommen bakterieller, humanpathogener Erreger im Starenkot bestimmt und einige isolierte Stämme einer eingehenden Typisierung unterzogen und mit Isolaten menschlicher Herkunft verglichen. *C. jejuni*, *L. monocytogenes* sowie *C. psittaci* waren die am häufigsten nachgewiesenen Erreger. Die Typisierung einiger *C. jejuni*- und *L. monocytogenes*-Stämme erbrachte eine Vielfalt an Geno-, Sero- bzw. Lytotypen, die nicht zu den am meisten unter Isolaten humaner Herkunft vertretenen Typen gehörten. Stare können für den Menschen relevante Krankheitserreger beherbergen, womit ein potentielles Infektionsrisiko vom Kot dieser Vögel ausgeht. Es scheint jedoch eher unwahrscheinlich, dass diese Vögel eine konstante direkte Infektionsquelle für den Menschen darstellen.

Schlüsselwörter: Vögel – *Sturnus vulgaris* – Krankheitserreger – Epidemiologie – Gesundheit

Einleitung

Schon seit langem ist bekannt, dass wildlebende Vögel sowohl Reservoir als auch Ausscheider potentiell humanpathogener Erreger sein können (Levré et al., 1989; Nice, 1994). Verschiedene Studien weisen immer wieder auf das Vorkommen solcher Krankheitserreger, insbesondere Salmonellen, Campylobacter, Listerien, Yersinien sowie Chlamydien im Darm dieser Vögel hin (Brand, 1989; Cork et al., 1995; Girdwood et al., 1985; Nice, 1994; Quessy und

The role of starlings (*Sturnus vulgaris*) in the epidemiology of potentially human bacterial pathogens

Since a long time a public garden in Basle is known as a site for overnight accomodation and assembly of starlings. The birds cause an immense faecal contamination of the park and the neighbouring district. A nursery and a primary school are directly affected. To evaluate the health risk coming from the starlings droppings for the population, particularly for the children and to assess the role of starlings in the transmission of diseases to humans and in the epidemiology of human diseases the presence of human bacterial pathogens in the faeces of starlings was determined. Some of the isolated strains were further typed and compared to strains of human origin. *C. jejuni*, *L. monocytogenes* and *C. psittaci* were most often found. The typisation of some *C. jejuni* and *L. monocytogenes* isolates showed a great variety of geno-, sero- respectively phage types that did not belong to the strains most often found in isolates of human origin. Starlings can harbour human pathogens and therefore a potential risk of infection comes from their droppings. It seems however rather improbable, that these birds present a constant direct source of infection for human beings.

Key words: birds – *Sturnus vulgaris* – pathogens – epidemiology – health

Messier, 1992; Whelan et al., 1988; Wormuth, 1995). Begünstigt durch ihre Lebensweise, die grosse Mobilität sowie den in den letzten Jahren erfolgten Anstieg der Vogelpopulation können Wildvögel in besonderem Masse zu einer Weiterverbreitung dieser Erreger beitragen. Diese werden nicht nur durch direkten Körperkontakt verbreitet bzw. durch das Gefieder beim Flattern in die Luft verstreut, sondern vor allem mit dem Kot ausgeschieden, wobei es zu einer massiven fäkalen Kontamination der Umwelt kommen kann (Kapperud und Rosef, 1983; Levré

et al., 1989; Nice, 1994; Wormuth, 1995). Handelt es sich dabei um einen Lebensraum, der sehr eng mit dem Menschen geteilt wird, stellt sich die Frage nach der vom Vogelkot ausgehenden gesundheitlichen Gefährdung der Bevölkerung. Dabei spielt in städtischen Gebieten nicht nur die Kontamination von Lebensmittelverkaufsständen eine Rolle, sondern auch die stark frequentierter Plätze, Parks und Kinderspielplätze. Studien zur Abklärung der Bedeutung wildlebender Vögel als Krankheitsüberträger auf den Menschen befassen sich vor allem mit Untersuchungen bei Tauben, Möwen und Krähen (Girdwood et al., 1985; Glünder, 1989; Kapperud und Rosef, 1983; Maruyama et al., 1990; Whelan et al., 1988; Wormuth, 1995). Über die Bedeutung des Stares beim Infektionsgeschehen menschlicher Erkrankungen liegen in der Literatur keine Berichte vor. Ebenso finden sich nur wenige Angaben zum Vorkommen humanpathogener Erreger bei dieser Vogelart.

Anlass der vorliegenden Studie war die Tatsache, dass in Basel seit längerem eine Parkanlage als beliebtes Sammel- und Übernachtungsareal des Gemeinen Stars (*Sturnus vulgaris*) im Herbst bekannt ist. Die bis zu 20 000 Tiere umfassende Population führt dabei zu einer enormen Verunreinigung der Anlage und des angrenzenden Quartiers mit Vogelkot. Ein Kindergarten und eine Primarschule sind dabei von der Verschmutzung direkt betroffen. Zur Beurteilung der vom Starenkot ausgehenden gesundheitlichen Gefährdung der Bevölkerung, insbesondere der Kindergarten- und Schulkinder, wurde die Starenpopulation und die von ihr verursachte Verschmutzung des Areals mit Kot quantifiziert, dieser auf humanpathogene Erreger untersucht, das Verhalten der Kinder beobachtet sowie diese medizinisch überwacht (Odermatt et al., 1998). Hier sollen die mikrobiologischen Untersuchungen der zuvor erwähnten Studie, die Aufschluss über das Vorkommen von thermophilen *Campylobacter*-Arten, *Listeria monocytogenes* (*L. monocytogenes*), *Salmonella* sp., *Yersinia* spp., *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*) sowie *Chlamydia psittaci* (*C. psittaci*) im Starenkot geben sollten, im Detail vorgestellt werden. Ferner wurden zur Ermittlung der potentiellen Rolle von Staren in der Epidemiologie menschlicher Erkrankungen bei den am häufigsten nachgewiesenen Erregern *Campylobacter* spp. und *L. monocytogenes* die isolierten Stämme einer eingehenden Typisierung unterzogen.

Tiere, Material und Methoden

Probenentnahme

In einer ersten im Jahr 1995 durchgeführten Studie wurden insgesamt 200 Proben zur Untersuchung

auf *Campylobacter* spp., *L. monocytogenes*, *Salmonella* sp., *Yersinia* spp. sowie *S. aureus* und weitere 200 Proben zur Untersuchung auf *C. psittaci* erhoben. Die ersten hundert dieser Proben wurden jeweils Mitte September, die zweiten hundert Mitte Oktober gesammelt. Die Proben wurden auf zehn 1 m² grossen, auf einem Holzrahmen aufgespannten Plastikfolien, die unter den bevorzugtesten Aufenthaltsplätzen der Stare ausgelegt wurden, gesammelt. Die Folien wurden abends vor dem Anflug der Stare unter verschiedenen, von den Staren zur Nachtruhe aufgesuchten Bäumen ausgelegt und am nächsten Morgen fünf Vogeldefäkationen von verschiedenen Folien abgenommen und in einem sterilen Gefäß zu einer etwa haselnussgrossen Probe Vogelkot gepoolt. Die Proben gelangten innerhalb von 3 h in das Untersuchungslabor, wo sie innerhalb von weiteren 2 h auf die genannten Erreger untersucht wurden. Lediglich die Proben für die Analyse auf *C. psittaci* wurden gleichentags bei -20 °C konserviert und zu einem späteren Zeitpunkt untersucht. Auf diese Weise wurden 1000 Vogeldefäkationen auf *C. psittaci* und weitere 1000 auf die übrigen Erreger untersucht.

In einer zweiten Studie wurden im Oktober 1996 erneut 75 Vogelkotproben in der oben beschriebenen Weise erhoben und auf die in der ersten Studie am häufigsten nachgewiesenen Erreger *Campylobacter* spp. und *L. monocytogenes* untersucht. Die hierbei isolierten Stämme wurden einer eingehenderen Typisierung unterzogen und mit Isolaten menschlicher Herkunft verglichen.

Campylobacter spp. (*C. jejuni*, *C. coli*, *C. lari*)

Für die Untersuchung auf *Campylobacter* spp. wurden die Proben direkt auf Campylosel-Agar (Bio Mérieux 43253) ausgestrichen und bei 42 °C während 24–48 h mikroaerophil (Merck Anaerocult C 1.16275) inkubiert. Die Anreicherung erfolgte in 10 ml *Campylobacter* Enrichment Broth (*Campylobacter* Enrichment Broth Base, Biolife 1286 mit *Campylobacter* Growth Supplement, Biolife 421840021 und Skirrow Antimicrobial Supplement, Biolife 421840016) bei 42 °C während 48 h, mikroaerophil. Danach erfolgte die Isolierung von 50 µl Anreicherungsmedium auf Campylosel-Agar mit nachfolgender Bebrütung bei 42 °C während 24 bis 48 h, mikroaerophil.

Selektivplatten mit *Campylobacter*-verdächtigen Kolonien wurden im Rahmen der ersten Studie ausgehend von der Mischkultur einer Bestätigung mit Hilfe des Accuprobe *Campylobacter* Culture Identification Tests (Gen-Probe 2810), der gleichzeitig *C. jejuni*, *C. coli* und *C. lari* erfasst, ohne jedoch zwischen diesen Arten zu differenzieren, unterzogen. Bei der zweiten Studie wurden beim Vorliegen von

Campylobacter-verdächtigen Kolonien drei Kolonien pro Selektivplatte parallel auf je zwei Blutagar-Platten (Bio Mérieux 43 041) umgezüchtet. Eine der beiden Platten wurde aerob, die andere mikro-aerophil bei 42 °C während 24 bis 48 h bebrütet. Pro Probe wurde von allen Stämmen, die ausschliesslich mikroaerophiles Wachstum zeigten, ausgehend von einer Mischkultur dieser Stämme eine Bestätigung mit Hilfe des oben erwähnten Accuprobe *Campylobacter* Culture Identification Tests durchgeführt. Konnten die Isolate als *Campylobacter* spp. bestätigt werden, wurden sie zur Identifizierung und weiteren Typisierung an das Nationale Zentrum für enteropathogene Erreger (NENT) in Bern gesandt. Die Identifizierung der Spezies erfolgte dabei an 66 Stämmen mittels phänotypischer Tests und einer DNA dot-blot Hybridisierung (Burnens et al., 1993). Eine eingehendere Typisierung wurde an zwölf Isolaten mittels Restriktionsfragment Längen Polymorphismen (RFLP) des Flagellingens *flaA* vorgenommen (Burnens et al., 1996). Dazu wurde Wachstum entsprechend vier Kolonien in 500 µl Lysispuffer (100 mM Tris-HCl pH 8,5 mit 0,05 % Tween 20 und 0,24 mg/ml Proteinase K) suspendiert und bakterielle DNA durch Inkubation bei 60 °C während 60 min und anschliessendes Erhitzen auf 95 °C für 15 min freigesetzt. Nach Zentrifugation der Proben in einer Eppendorf 5415C Zentrifuge bei maximaler Tourenzahl für 5 min wurden 2,5 µl des Überstandes für die PCR eingesetzt. Die Amplifikation erfolgte in Ansätzen von 50 µl wie bereits beschrieben, die Länge des PCR-Produktes beträgt 1123 bp (Burnens et al., 1996). Jeweils 20 µl der Amplifikationsprodukte wurden mit dem Restriktionsenzym *DdeI* (Boehringer Mannheim, Mannheim, Deutschland) verdaut und die entstehenden Fragmente anschliessend auf einem 2 % Agarosegel (Metaphor, FMC Bioproducts, Rockland ME, USA) aufgetrennt. Das Enzym *DdeI* hat sich für die Stamm-Diskriminierung als besonders geeignet erwiesen und hat zudem den Vorteil, dass die Anwesenheit von PCR-Puffer den Restriktionsverdau nicht stört, so dass man sich eine vor-gängige Reinigung der PCR-Produkte ersparen kann (Nachamkin et al., 1993).

L. monocytogenes

Für die Untersuchung auf *L. monocytogenes* wurden die Proben direkt auf Oxford-Agar (Listeria Selective Agar Base, Oxoid CM 856 mit Listeria Selective Supplement, Oxoid SR140) sowie Palcam-Agar (Palcam-Listeria-Selective-Agar-Basis, Merck 11 755 mit Palcam-Listeria-Selective-Supplement, Merck 12122) ausgestrichen und die Platten während 24 bis 48 h bei 37 °C inkubiert. Für die Anreicherung erfolgte zunächst eine Voranreicherung in

10 ml Listeria Enrichment Broth LEB/UVM1 (Biolife 1598) bei 30 °C während 24 h. Danach wurden von der Voranreicherung 100 µl in 10 ml Listeria Enrichment Broth LEB/UVM2 (Biolife 1599) verbracht und während weiteren 24 h bei 30 °C bebrütet. Anschliessend erfolgte die Isolierung von je 50 µl Anreicherungsmedium auf Oxford-Agar und Palcam-Agar mit nachfolgender Inkubation bei 37 °C während 24 bis 48 h.

Selektivplatten mit *L. monocytogenes*-verdächtigen Kolonien wurden im Rahmen der ersten Studie ausgehend von der Mischkultur einer Bestätigung mit Hilfe des Accuprobe *L. monocytogenes* Culture Identification Tests (Gen-Probe 2920) unterzogen. Bei der zweiten Studie wurden beim Vorliegen von *L. monocytogenes*-verdächtigen Kolonien drei Kolonien pro Selektivplatte einem CAMP-Test mit einem *S. aureus*-Stamm unterzogen. Isolate, die im CAMP-Test positiv ausfielen, wurden einer Bestätigung mit Hilfe des oben genannten Accuprobe *L. monocytogenes* Culture Identification Tests unterzogen. Pro Probe wurde ein Stamm, der sowohl im CAMP-Test als auch im Accuprobe Test positiv ausfiel, zur Serotypisierung und Lysotypie an das Centre Nationale de Référence des Listeria in Lausanne eingesandt. Die Serotypisierung erfolgte gemäss Seeliger und Höhne (1979), die Lysotypie am Pasteur Institut (Paris) gemäss Rocourt et al. (1985).

Salmonella sp.

Für die Untersuchung auf *Salmonella* sp. wurden die Proben direkt auf Xylose Lysine Desoxycholate Agar (XLD-Agar, Oxoid CM 469) sowie Hektoen Enteroto Agar (HE-Agar, Merck 11 681) ausgestrichen und die Platten während 24 bis 48 h bei 37 °C inkubiert. Die Anreicherung erfolgte in je 10 ml Salmonella-Anreicherungsbouillon nach Rappaport und Vassiliadis (Merck 7700) bei 42 °C und in 10 ml Selenite-Broth (Biolife 2025) bei 37 °C während jeweils 24 h. Danach erfolgte die Isolierung von je 50 µl Anreicherungsmedium auf XLD-Agar und HE-Agar mit nachfolgender Bebrütung bei 37 °C während 24 bis 48 h.

Beim Vorliegen Salmonellen-verdächtiger Kolonien schloss sich eine Bestätigung von drei Kolonien pro Selektivplatte an. Diese erfolgte mittels Phagolyse-test (Polyvalente 01 Salmonella Phagensuspension, Biokema), gefolgt von dem einfach und schnell durchzuführenden Mucap-Test (Biolife 191 500). Als *Salmonella* sp. beurteilte Isolate wurden zur Serotypisierung an das NENT gesandt.

Yersinia spp.

Für die Untersuchung auf *Yersinia* spp. wurden die Proben direkt auf Yersinia-CIN-Agar (Bio Mérieux

43 201) ausgestrichen und die Platten während 24 bis 48 h bei Raumtemperatur inkubiert. Die Anreicherung erfolgte in 10 ml *Yersinia*-Anreicherungsbouillon (Basismedium, Merck 15 209 mit Magnesiumchlorid, Merck 105 833 und Ticarcillin, Sigma T-5639) bei Raumtemperatur während 48 h. Danach erfolgte die Isolierung von 50 µl Anreicherungsmedium auf *Yersinia*-CIN-Agar mit nachfolgender Bebrütung bei Raumtemperatur während 24 bis 48 h.

Pro Selektivplatte wurde für alle morphologisch gleichartigen Kolonien ein Vertreter ausgewählt und auf Tryptone Soya Agar (Oxoid CM 131) umgezüchtet. Nach erfolgter Inkubation dieser Platten bei 37 °C während 24 h wurden die einzelnen Isolate auf ihre Oxidaseaktivität getestet. Alle Oxidase-negativen Isolate wurden mit Hilfe des BBL EnteroTube II (Becton Dickinson 4373176) biochemisch identifiziert. Die mit diesem System als *Yersinia* spp. identifizierten Stämme wurden nochmals einer biochemischen Bestätigung mittels API 20E (Bio Métrieux 201000) unterzogen. Hiermit als *Y. enterocolitica* bzw. *Y. pseudotuberculosis* beurteilte Isolate wurden zur Bestätigung und Typisierung an das NENT gesandt.

S. aureus

Für die Untersuchung auf *S. aureus* wurden die Proben direkt auf Baird-Parker-Agar (Baird-Parker-Base-Agar, Biolife 1116 mit Eigelb-Kaliumtellurit-Emulsion, Oxoid SR 054C) ausgestrichen und die Platten während 48 h bei 37 °C inkubiert. Die Anreicherung erfolgte in 9 ml Staphylokokken-Anreicherungsbouillon (Basismedium, Merck 7899 mit Kaliumtellurit, Merck 5164) bei 37 °C während 48 h. Danach erfolgte die Isolierung von 50 µl Anreicherungsmedium auf Baird-Parker-Agar mit nachfolgender Bebrütung bei 37 °C während 24–48 h. Selektivplatten mit *S. aureus*-verdächtigen Kolonien wurden ausgehend von der Mischkultur einer Bestätigung mit Hilfe des Accuprobe *S. aureus* Culture Identification Tests (Gen-Probe 2875) unterzogen.

C. psittaci

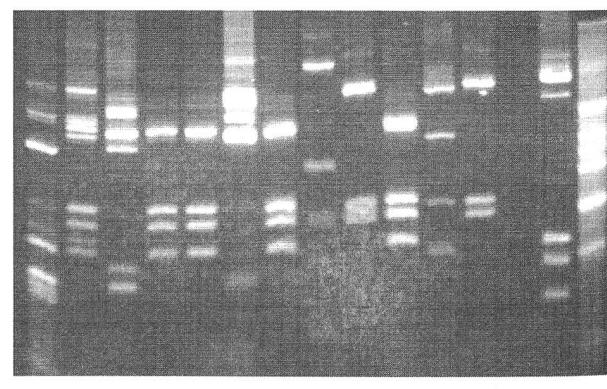
Der Nachweis von *C. psittaci* geschah mit Hilfe des kommerziell erhältlichen Antigen-ELISA IDEIA™ *Chlamydia* (Dako K 6001) zum Nachweis von *Chlamydia*-Antigen in klinischen Humanproben. Die Probenauarbeitung gestaltete sich in Anlehnung an das von Gerbermann (1989) entwickelte Protokoll. Nach Herstellung einer 10 %igen Kotsuspension in Suspensionsmedium Minimum Essential Medium Eagle (Sigma M-4655) wurde diese homogenisiert und bei 500 g 10 min bei 4 °C zentrifugiert. Daran schloss sich eine Ultrazentrifugation des Überstan-

des bei 39 000 g für 40 min bei 4 °C. Das so erhaltene Pellet wurde in 2 ml Suspensionsmedium resuspendiert und das so resuspendierte Pellet in 6 ml Suspensionsmedium aufgenommen. Die ELISA-Testdurchführung erfolgte nach den Angaben des Herstellers, wobei die Auswertung photometrisch geschah. Zur Berechnung des Grenzwertes wurde in Abweichung zur Produktinformation zum Mittelwert der Negativkontrollen 0,130 Extinktionseinheiten hinzu addiert (Gerbermann und Kobel, 1993). Gemäß dem von Gerbermann entwickelten Protokoll galt eine Probe als positiv, wenn sie über dem Grenzwert + 0,220 Extinktionseinheiten lag.

Ergebnisse

Sämtliche untersuchten Erreger konnten mit unterschiedlichen Häufigkeiten im Starenkot nachgewiesen werden. Das Vorkommen der einzelnen Erregerarten im Starenkot ist aus Tabelle 1 ersichtlich. In 191 von 200 (95,5 %) im Jahr 1995 untersuchten Kotproben konnte *Campylobacter* spp. nachgewiesen werden, davon in 83,8 % der Proben bereits in der Direktkultur. Bei den ein Jahr später analysierten 75 Proben gelang der Nachweis in allen (100,0 %) Kotproben, wobei sich in 97,3 % der Fälle bereits in der Direktkultur *Campylobacter* spp. isolieren liess. Von den 66 einer Speziesidentifikation unterzogenen *Campylobacter*-Isolaten erwiesen sich alle als *C. jejuni*. Die Typisierung von zwölf *C. jejuni*-Stämmen mittels RFLP des PCR-amplifizierten *flaA* Gens ergab acht verschiedene Profile (Abb. 1).

L. monocytogenes konnte 1995 in 73 von 200 (36,5 %) Kotproben, 1996 in 20 von 75 (26,7 %) festgestellt werden. In beiden Jahren liess sich dieser



Legende: Bahnen 1–12: *C. jejuni*-Isolate aus Starenkot. Stämme 4761–96, 4762–96, 4763–96, 4764–96, 4765–96, 4842–96, 4851–96, 4904–96, 4905–96, 4906–96, 4907–96, 4908–96; Bahn 13: Negativkontrolle; Bahn 14: Positivkontrolle, *C. jejuni* Stamm IN1; Bahn 15: Standard, pBR322 DNA, mit Hinfl geschnitten. Die vier Stämme der Bahnen 4, 5, 7 und 10 sowie die zwei Stämme der Bahnen 9 und 12 sind jeweils untereinander identisch.

Abbildung 1: Resultate der Typisierung von 12 *C. jejuni*-Stämmen mittels RFLP des PCR-amplifizierten *flaA* Gens.

Tabelle 1: Vorkommen von *Campylobacter* spp., *Salmonella* sp., *L. monocytogenes*, *Yersinia* spp., *S. aureus* und *C. psittaci* in Kotproben des Gemeinen Stars (*Sturnus vulgaris*) in Basel in den Jahren 1995 und 1996.

Zeitraum	Nachgewiesene Erreger					
	<i>Campylobacter</i> spp. (<i>C. jejuni</i> , <i>C. coli</i> , <i>C. lari</i>)	<i>L. monocytogenes</i>	<i>Salmonella</i> sp.	<i>Yersinia</i> spp.	<i>S. aureus</i>	<i>C. psittaci</i>
Block I Sept. 1995						
D ^a	65/100 (65,0) ^c	6/100 (6,0)	0/100 (0,0)	10/100 (10,0)	3/100 (3,0)	
n.A. ^b	26/100 (26,0)	44/100 (44,0)	1/100 (1,0)	0/100 (0,0)	1/100 (1,0)	
Total	91/100 (91,0)	50/100 (50,0)	1/100 (1,0)	10/100 (10,0)	4/100 (4,0)	24/100 (24,0)
Block II Okt. 1995						
D	95/100 (95,0)	0/100 (0,0)	0/100 (0,0)	19/100 (19,0)	0/100 (0,0)	
n.A.	5/100 (5,0)	23/100 (23,0)	1/100 (1,0)	3/100 (3,0)	0/100 (0,0)	
Total	100/100 (100,0)	23/100 (23,0)	1/100 (1,0)	22/100 (22,0)	0/100 (0,0)	57/100 (57,0)
Total beider Blöcke 1995						
D	160/200 (80,0)	6/200 (3,0)	0/200 (0,0)	29/200 (14,5)	3/200 (1,5)	
n.A.	31/200 (15,5)	67/200 (33,5)	2/200 (1,0)	3/200 (1,5)	1/200 (0,5)	
Total	191/200 (95,5)	73/200 (36,5)	2/200 (1,0)	32/200 (16)	4/200 (2,0)	81/200 (40,5)
Block III Okt. 1996						
D	73/75 (97,3)	7/75 (9,3)				
n.A.	2/75 (2,7)	13/75 (17,3)				
Total	75/75 (100,0)	20/75 (26,7)				

^a bereits im Direktverfahren nachgewiesen

^b zusätzlich nach Anreicherung nachgewiesen

^c Anzahl positiver Proben/Anzahl untersuchter Proben (% positive Proben)

Erreger in der Mehrheit der Fälle – 1995 in 91,8 %, 1996 in 65,0 % – erst nach Anreicherung der Proben isolieren. Die an den 20 im Jahr 1996 isolierten *L. monocytogenes*-Stämmen durchgeführte Serotypisierung ergab 15mal den Serotyp 4b, dreimal den Serotyp 1/2a und zweimal den Serotyp 4c. Von diesen 20 Isolaten waren zwei des Serotyps 4b mit Hilfe der Lysotypie nicht typisierbar. Unter den verbleibenden 18 Stämmen konnten 14 verschiedene Lysotypen festgestellt werden. Zehn verschiedene Lysotypen wurden innerhalb der 13 *L. monocytogenes*-Stämme des Serotyps 4b, drei weitere unter den drei Isolaten des Serotyps 1/2a und ein zusätzlicher unter den beiden Stämmen des Serotyps 4c ermittelt (Tab. 2).

Der Nachweis von *Salmonella* sp. gelang in zwei von 200 (1,0 %) untersuchten Kotproben nach Anreicherung, wobei es sich einmal um *S. brandenburg* und einmal um *S. typhimurium* handelte.

In 32 von 200 (16,0 %) Kotproben wurde *Yersinia* spp. gefunden, wobei der Nachweis dieses Keimes in 90,6 % der Fälle bereits in der Direktkultur gelang. Dabei handelte es sich 16mal um *Y. kristensenii*, neunmal um *Y. alvdovae*, je einmal um *Y. frederiksenii* und *Y. bercovieri* sowie dreimal um *Y. enterocolitica* der Biogruppe 1A und zweimal um *Y. pseudotuberculosis*. Zwei der drei *Y. enterocolitica*-Stämme sowie beide *Y. pseudotuberculosis*-Isolate konnten bereits im Direktverfahren nachgewiesen werden.

S. aureus wurde in vier von 200 (2,0 %) analysierten Proben nachgewiesen, in drei Proben bereits im Direktausstrich, in der verbleibenden erst nach erfolgter Anreicherung.

C. psittaci konnte in 81 von 200 (40,5 %) untersuchten Kotproben festgestellt werden.

Knapp die Hälfte (47,0 %) der im Jahr 1995 auf die mit Ausnahme von *C. psittaci* oben genannten Erreger untersuchten 200 Proben beherbergten mehrere dieser Bakterien. Von 81 Kotproben wiesen 57 (70,4%) gleichzeitig *Campylobacter* spp. und *L. monocytogenes* auf, 22 (27,2 %) gleichzeitig *Campylobacter* spp. und *Yersinia* spp. sowie je eine *Campylobacter* spp. und *S. aureus* bzw. *Campylobacter* spp. und *S. typhimurium*. Aus 13 Kotproben konnten gleichzeitig drei Erreger isoliert werden, mehrheitlich (69,2%)

Tabelle 2: Resultate der an 20 *L. monocytogenes*-Stämmen durchgeführten Serotypisierung und Lysotypie.

Stamm	Serotyp	Lysotyp
1	4b	340/1317
2	4b	340/1317
3	4b	340/1317
4	4b	47/52/340/2389/2425/2671/3274
5	4b	47/52/340/2389/2425/2671/3274
6	4b	47/52/340/1444/2425/2671/3274/3552
7	4b	47/52/340/2389
8	4b	52/340
9	4b	52/340/1317/1444/3274/3552
10	4b	52/108/312/340
11	4b	52/108/312/340/1317/1444/2671/3274
12	4b	52/340/1317/3274
13	4b	340/1317/3274
14	4b	n.t. ^a
15	4b	n.t.
16	1/2a	10/43/1967/4477
17	1/2a	1967/4477/12029
18	1/2a	575
19	4c	312/340/1317
20	4c	340/1317

^a nicht typisierbar

Campylobacter spp., *L. monocytogenes* und *Yersinia* spp.. Zwei Proben beherbergten *Campylobacter* spp., *L. monocytogenes* und *S. aureus*, je eine *L. monocytogenes*, *S. aureus* und *Yersinia* spp. bzw. *Campylobacter* spp., *L. monocytogenes* und *S. brandenburg*.

Diskussion

Der Gemeine Star wurde bisher hauptsächlich als Landwirtschaftsschädling untersucht. Zur Frage nach der Bedeutung des Stars als Reservoir und Ausscheider potentiell humanpathogener Erreger und damit als Krankheitsüberträger auf den Menschen finden sich in der Literatur keine Angaben. Die vorliegende Studie zeigt, dass ein breites Spektrum an bakteriellen, humanpathogenen Erregern im Starenkot enthalten ist, diese Vogelart als Reservoir für mehrere Krankheitserreger des Menschen in Frage kommt und damit ein potentielles Infektionsrisiko vom Kot dieser Tiere ausgeht. Zur genaueren Abschätzung des Infektionsrisikos sowie der Rolle des Stars in der Epidemiologie humaner Erkrankungen ist nicht nur die Bestimmung der Häufigkeit und Menge der mit dem Kot ausgeschiedenen humanpathogenen Erreger wichtig, sondern auch die vergleichende Typisierung der isolierten aviären Stämme mit solchen humaner Herkunft. Daneben eignet sich die medizinische Überwachung der Risikopopulation sowie ein Vergleich zwischen den dem Bundesamt für Gesundheit (BAG) gemeldeten Erkrankungen für Basel und weniger von einer massiven Starenkotverschmutzung betroffenen Landesteilen (Odermatt et al., 1998). Diese Untersuchungen haben gezeigt, dass gerade bei *Campylobacter* spp., dem wie auch bei anderen wildlebenden Vogelarten (Kapperud und Rosef, 1983; Levrè et al., 1989; Maruyama et al., 1990; Quessy und Messier, 1992; Whelan et al., 1988) im Starenkot am häufigsten gefundenen potentiell pathogenen Erreger, in Anbetracht der für den Menschen niedrigen Infektionsdosis von weniger als 500 Organismen eine menschliche Infektion und Erkrankung nach oraler Aufnahme durchaus möglich erscheint. So dürfte die dabei mit dem Kot ausgeschiedene Menge an diesen Organismen eher hoch sein, da ihr Nachweis in der Mehrzahl der Proben bereits in der Direktkultur gelang. Auch bei *C. psittaci*, dem am zweithäufigsten in der untersuchten Starenpopulation nachgewiesenen potentiell pathogenen Erreger, für den auch in anderen Vogelarten relativ hohe Trägerraten von 10,0 bis 25,0 % angegeben werden (Gerbermann et al., 1994), dürfte eine Infektion des Menschen über Inhalation von infektiösem Kotstaub möglich sein. *L. monocytogenes* konnte in der eigenen Studie zwar in etwa einem Drittel der Proben nachgewiesen werden, doch ge-

lang in der Mehrzahl der Proben der Nachweis erst nach Anreicherung. Damit scheint die mit dem Starenkot ausgeschiedene Menge an *L. monocytogenes*, im Gegensatz zu den Verhältnissen bei *Campylobacter* spp., eher gering zu sein. Demgegenüber steht eine, mindestens für gesunde Erwachsene eher hohe minimale Infektionsdosis. Zu den eher seltener und in geringerer Anzahl mit dem Starenkot ausgeschiedenen Krankheitserregern, die wahrscheinlich kein akutes Risiko für die menschliche Gesundheit darstellen, gehören Salmonellen, pathogene *Yersinia*-Arten und *S. aureus*. Diese Befunde decken sich weitestgehend mit solchen anderer Studien (Cork et al., 1995; Fukushima und Gomyoda, 1991; Girdwood et al., 1985; Hamasaki et al., 1989; Kapperud und Rosef, 1983; Levrè et al., 1989; Nice, 1994; Quessy und Messier, 1992). Die mit dem Starenkot ausgeschiedene Anzahl an Salmonellen scheint eher gering zu sein. So gelang deren Nachweis erst nach Anreicherung der Kotprobe. Auf der anderen Seite steht auch hier, im Gegensatz zu den Verhältnissen bei *Campylobacter* spp., eine für den Menschen wesentlich grössere minimale Infektionsdosis. Bei den meisten aus den Starenkotproben isolierten *Yersinia*-Arten handelte es sich um für den Menschen apathogene, in der Umwelt weit verbreitete Arten. Auch die aus drei Proben isolierten *Y. enterocolitica*-Stämme gehörten zur Biogruppe 1A, welche als Umweltkeime gelten.

Während in der Literatur einige Arbeiten zur Bio- und Serotypisierung von hauptsächlich aus Möwen und Krähen isolierten *Campylobacter*-Stämmen und deren Vergleich mit solchen humaner Herkunft vorliegen (Maruyama et al., 1990; Rosef et al., 1985; Whelan et al., 1988), ist die in der eigenen Studie durchgeföhrte Typisierung der von Staren stammenden *C. jejuni*-Isolaten mittels molekularbiologischer Methoden neu. Über die genauere Untersuchung der von Wildvögeln stammenden *L. monocytogenes*-Isolate und ein Vergleich dieser mit solchen humaner Herkunft liegen in der Literatur keine Daten vor. Die vorliegenden Ergebnisse zeigen, dass unter Staren die Spezies *C. jejuni* vorherrschend ist. Auch beim Menschen gehört *C. jejuni* zu dem am häufigsten im Zusammenhang mit *Campylobacter*-Rosen nachgewiesenen Erreger. Sowohl die molekularbiologische Typisierung der *C. jejuni*-Isolate als auch die eingehendere Untersuchung einiger *L. monocytogenes*-Stämme mit Hilfe der Serotypisierung und Lysotypie erbrachte eine Vielfalt an Isolaten, die zeigt, dass bei Staren weder von einem bestimmten *C. jejuni*-Typ noch von einem bestimmten *L. monocytogenes*-Typ gesprochen werden kann. Ein Vergleich der bei *C. jejuni* nachgewiesenen Profile mit Stämmen humaner Herkunft, von Tieren und aus der Umwelt zeigte, dass die meisten Profile weder beim Menschen, im Wasser noch im Geflügel

verbreitet sind. Unter den gefundenen *L. monocytogenes*-Typen macht der am häufigsten beim Star nachgewiesene Serotyp 4b zusammen mit den Serotypen 1/2a und 1/2b zwar 90 % der menschlichen *L. monocytogenes*-Isolate aus, doch von der Vielfalt der bei Staren innerhalb dieses Serotyps ermittelten Lysotypen wurden lediglich zwei unter menschlichen Stämmen, die zwischen 1995 und 1997 in der Schweiz isoliert wurden, gefunden. Ein ähnliches Bild ergab die Lysotype der drei aus Starenkot isolierten Stämme des Serotyps 1/2a. Drei verschiedene Lysotypen wurden nachgewiesen, von denen in der Schweiz unter Stämmen menschlicher Herkunft nur ein identisches Isolat aus dem Tessin im Jahre 1996 gefunden wurde. Aus der Region Basel konnte in den letzten Jahren kein *L. monocytogenes*-Stamm humaner Herkunft isoliert werden, welcher einem der in dieser Studie gefundenen Lysotypen angehörte. Diese Tatsachen dürften das zu Beginn erwähnte allgemeine Infektionsrisiko mindern.

Auch die Auswertung der dem BAG für die Jahre 1994 und 1995 vorliegenden Statistiken über meldepflichtige Erkrankungen zeigte, dass es während der Anwesenheit der Stare in Basel nicht signifikant häufiger zu Campylobacter-, Salmonellen-, *C. psittaci*- und *L. monocytogenes*-Infektionen beim Menschen kam als in anderen Kantonen der Schweiz (Odermatt et al., 1998).

Trotz der Tatsache, dass sich die Stare im untersuchten Quartier in Basel in grosser Anzahl auf kleinen Raum konzentrieren und zu einer erheblichen Verunreinigung des Areals mit Kot führen sowie der Tatsache, dass diesen Tieren mindestens für *C. jejuni*, *C. psittaci* und *L. monocytogenes* eine Bedeutung als Reservoir zukommt, lässt sich schlussfolgernd sagen, dass die vom Starenkot ausgehende gesundheitliche Gefährdung der Bevölkerung als nicht sehr hoch einzuschätzen ist und diese Vögel keine grössere Rolle in der Epidemiologie humaner Campylobacteriosen, Ornithosen, Listeriosen, Salmonellosen, Yersiniosen und *S. aureus*-Infektionen spielen. Auch die Resultate des bereits eingangs erwähnten Monitorings der der Verschmutzung mit Starenkot am meisten ausgesetzten Kindergarten- und Schulkinder zeigten, dass bei diesen während der Anwesenheit der Stare keine Erkrankung festgestellt wurde, die direkt auf einen Kontakt mit den Staren bzw. deren Kot zurückgeführt werden konnte (Odermatt et al., 1998). Ebenso wurde in dieser Zeitperiode von keinem Arzt in Basel eine Infektion aufgrund von intensivem Kontakt zu Staren bzw. deren Kot dem Schularztamt gemeldet. Nachdem jedoch in Fällen, in welchen eine menschliche Erkrankung auf einen Kontakt mit infizierten Vögeln zurückgeführt werden konnte, den Übertragungen ein überaus intensiver und enger Kontakt mit diesen Tieren zugrunde lag (Gerbermann et al., 1994;

Glünder, 1989; Nice, 1994), kommt dem Verhalten des Menschen gegenüber den kontaminierten Flächen und der Vogelpopulation eine besondere Bedeutung zu. Dann dürfte eine Infektion ausgehend von Starenkot ausgeschlossen sein, wenn geeignete Massnahmen ergriffen werden, dass die Tiere nicht direkt berührt werden und ein Kontakt mit deren Faeces vermieden wird. Unter Beachtung dieser Punkte erscheint eine kontinuierliche oder systematische Übertragung der Erreger eher unwahrscheinlich.

Literatur

- Brand C.J.* (1989): Chlamydial infections in free-living birds. *J. Am. Vet. Med. Ass.* 195, 1531–1535.
- Burnens A.P., Stanley J., Schaad U.B., Nicolet J.* (1993): Novel Campylobacter-like organism resembling Helicobacter fennelliae isolated from a boy with gastroenteritis and from dogs. *J. Clin. Microbiol.* 31, 1916–1917.
- Burnens A.P., Heitz M., Brodard I., Nicolet J.* (1996): Sequential development of resistance to fluoroquinolones and erythromycin in an isolate of *Campylobacter jejuni*. *Zbl. Bakt.* 283, 314–321.
- Cork S.C., Marshall R.B., Madie P., Fenwick S.G.* (1995): The role of wild birds and the environment in the epidemiology of *Yersinia* in New Zealand. *New Zealand Vet. J.* 43, 169–174.
- Fukushima H., Gomyoda M.* (1991): Intestinal carriage of *Yersinia pseudotuberculosis* by wild birds and mammals in Japan. *Appl. Environ. Microbiol.* 57, 1152–1155.
- Gerbermann H.* (1989): Current situation and alternatives for diagnosis and control of chlamydiosis in the Federal Republic of Germany. *J. Am. Vet. Med. Ass.* 195, 1542–1547.
- Gerbermann H., Kobel R.* (1993): Zum Vorkommen von Chlamydia-psittaci-Infektionen bei Greifvögeln aus freier Wildbahn. *Tierärztl. Prax.* 21, 217–224.
- Gerbermann H., Kobel R., Kösters J.* (1994): Zum Vorkommen von Chlamydia psittaci bei verschiedenen einheimischen Wildvögeln. *Proceedings IX DVG-Tagung Vogelkrht.* 130–142.
- Girdwood R.W.A., Fricker C.R., Munro D., Shedden C.B., Monaghan P.* (1985): The incidence and significance of *Salmonella* carriage by gulls (*Larus spp.*) in Scotland. *J. Hyg.* 95, 229–241.
- Glünder G.* (1989): Infektionen der Tauben als Risiko für die Gesundheit von Mensch und Tier. *Dtsch. Tierärztl. Wschr.* 96, 112–116.
- Hamasaki S., Hayashidani H., Kaneko K., Ogawa M., Shigeta Y.* (1989): A survey of *Yersinia pseudotuberculosis* in migratory birds in coastal Japan. *J. Wildlife Dis.* 25, 401–403.
- Kapperud G., Rosef O.* (1983): Avian wildlife reservoir of *Campylobacter fetus* subsp. *jejuni*, *Yersinia* spp. and *Salmonella* sp. in Norway. *Appl. Environ. Microbiol.* 45, 375–380.
- Levrà E., Valentini P., Brunetti M., Sacchelli, F.* (1989): Avifauna stanziale e migratoria come riserva di *Salmonella*, *Yersinia* e *Campylobacter*. *Ann. Igiene Med. Prev. e di Comunità* I, 729, 729–740.
- Maruyama S., Tanaka T., Katsube Y., Nakanishi H., Nukina M.* (1990): Prevalence of thermophilic *Campylobacters* in Crows (*Corvus levaillantii*, *Corvus corone*) and serogroups of the isolates. *Jpn. J. Vet. Sci.* 52, 1237–1244.
- Nachamkin I., Bohachick K., Patton C.M.* (1993): Flagellin gene typing of *Campylobacter jejuni* by restriction fragment

Le rôle de l'étourneau (*Sturnus vulgaris*) dans l'épidémiologie d'agents bactériens potentiellement pathogènes pour l'homme

Un parc de Bâle est connu depuis longtemps en tant que lieu de nuitée et de rassemblement de l'étourneau. L'énorme contamination fécale provoquée par les oiseaux affecte directement une école maternelle et primaire. L'objectif de cette étude était d'une part l'évaluation du risque encouru par la population et notamment par les écoliers, risque lié à la présence d'agents pathogènes dans les matières fécales des étourneaux et d'autre part l'évaluation du rôle de l'étourneau dans la transmission de maladies à l'homme et dans l'épidémiologie d'infections humaines. Pour ceci, différents bactéries ont été recherchés dans les fèces et quelques souches isolées ont été soumises à un typage approfondi, puis comparées à des souches d'origine humaine. *C. jejuni*, *L. monocytogenes* et *C. psittaci* ont été mis en évidence le plus fréquemment. Le typage de quelques souches de *C. jejuni* et de *L. monocytogenes* a montré une grande diversité de géno-, séro- respectivement lysotypes qui ne correspondaient pas aux types trouvés le plus fréquemment parmi les souches d'origine humaine. Puisque les étourneaux peuvent héberger des agents pathogènes humains, il existe un risque potentiel d'infection à partir de leur fèces. Il semble toutefois peu probable que ces oiseaux présentent une source d'infection pour l'homme constante et directe.

Il ruolo dello storno (*Sturnus vulgaris*) nella epidemiologia di agenti batterici potenzialmente patogeni per l'uomo

Un parco a Basilea è conosciuto da tanto tempo come area di adunanza e di pernottamento dello storno. L'enorme contaminazione fecale provocata dagli uccelli colpisce direttamente una scuola materna ed elementare. Lo scopo del presente studio era la valutazione del rischio diretto per la popolazione da una parte, in particolare per gli scolari, dovuto a la presenza di agenti patogeni nelle feci degli storni e dall'altra parte la valutazione del ruolo dello storno nella trasmissione di malattie all'uomo e nella epidemiologia di malattie umane. Per questo, diversi agenti batterici sono stati determinati nelle feci ed alcuni stipiti isolati sono stati sottoposti a una tipizzazione più approfondita e confrontati con ceppi di origine umana. La più alta frequenza di isolamento riguardava *C. jejuni*, *L. monocytogenes* e *C. psittaci*. La tipizzazione di qualche ceppo di *C. jejuni* e di *L. monocytogenes* ha dimostrato una grande varietà di geno-, siero- rispettivamente lisotipi che non sono risultati riferibili ai tipi trovati con maggiore frequenza tra stipiti di origine umana. Gli storni possono essere portatori di agenti patogeni umani, pertanto esiste un rischio potenziale d'infezione attraverso le loro feci. Sembra tuttavia poco probabile che questi uccelli presentino una sorgente d'infezione per l'uomo costante e diretta.

length polymorphism analysis. J. Clin. Microbiol. 31, 1531–1536.

Nice C.S. (1994): The dissemination of human infectious disease by birds. Rev. Med. Microbiol. 5, 191–198.

Odermatt P., Gautsch S., Rechsteiner D., Ewald R., Haag-Wackernagel D., Mühlmann R., Tanner M. (1998): Starenschwärme in Basel: ein Naturphänomen, eine Belästigung oder ein Gesundheitsrisiko? Gesundheitswesen 60, 749–754.

Quesey S., Messier S. (1992): Prevalence of *Salmonella* sp., *Campylobacter* spp. and *Listeria* spp. in ring-billed gulls (*Larus delawarensis*). J. Wildlife Dis. 28, 526–531.

Rocourt J., Audurier A., Courtieu A.L., Durst J., Ortel S., Schertenbrunner A., Taylor A.G. (1985): A multicenter study on the phage typing of *Listeria monocytogenes*. Zbl. Bakt. Hyg. A. 259, 489–497.

Rosef O., Kapperud G., Lauwers S., Gondrosen B. (1985): Serotyping of *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli* and *Campylobacter laridis* from domestic and wild animals. Appl. Environ. Microbiol. 49, 1507–1510.

Seeliger H.P.R., Höhne K. (1979): Serotyping of *Listeria monocytogenes* and related species. In: Methods in Microbiology, eds. T. Bergan and J.R. Norris, vol. 13, 31–49. Academic Press, London.

Whelan C.D., Monaghan P., Girdwood R.W.A., Fricker C.R. (1988): The significance of wild birds (*Larus* sp.) in the epidemiology of *Campylobacter* infections in humans. Epidemiol. Inf. 101, 259–267.

Wermuth H.-J. (1995): Müßen Vögel aus hygienischen Gründen bekämpft werden? Berichte zum Vogelschutz 33, 39–45.

Dank

Herrn G. Schaub sei für die Durchführung der Analysen gedankt.

Korrespondenzadresse

Dr. Sylvia Gautsch, Kantonales Laboratorium Basel, Kannenfeldstrasse 2, CH-4056 Basel

Manuskripteingang: 29. August 1999

In vorliegender Form angenommen: 30. Oktober 1999