

Aus dem Department für Pathobiologie der
Veterinärmedizinischen Universität Wien

Institut für Mikrobiologie
(Leiterin: Univ.-Prof. Dipl.-Ing. Dr. rer. nat. Monika Ehling-Schulz)

**Prävalenz von Salmonellen in der Reptilienpopulation des
Tiergartens Schönbrunn**

Diplomarbeit

Veterinärmedizinische Universität Wien

Vorgelegt von
Susanne Koroschetz

Wien, März 2022

Betreuer:

Priv.-Doz. Dr. med. vet. Joachim Spargser Dipl. ECVM

Department für Pathobiologie

Institut für Mikrobiologie

Veterinärplatz 1, 1210 Wien Österreich

Dr. Katharina Reith, Fachtierärztin für Kleintiere

Tierärztliche Ordination Tiergarten Schönbrunn

Seckendorff-Gudent-Weg 6, 1130 Wien

Inhaltsverzeichnis

1. Einleitung	1
2. Literatur	2
2.1. Salmonellen	2
2.1.1. Taxonomie und Eigenschaften	2
2.1.2. Diagnostik	2
2.1.3. Salmonellen bei Menschen	4
2.1.4. Pathogenese	5
2.1.5. Salmonellen bei Haus- und Nutztieren	6
2.1.6. Salmonellen bei Reptilien	7
3. Material und Methoden	8
3.1. Probenentnahme	8
3.2. Beprobte Terrarien	9
3.3. Anreicherung und Kultivierung	18
3.4. MALDI -ToF MS	19
3.5. Einfrieren und Übersenden der Proben	19
3.6. Erstellen von Antibigrammen	20
4. Ergebnisse	21
4.1. Nachgewiesene <i>Salmonella</i> -Serovare	21
4.2. Antibigramme	27
5. Diskussion	28
6. Zusammenfassung	31
7. Summary	32
8. Literaturverzeichnis	33

1. Einleitung

Salmonellen treten weltweit bei Tieren und Menschen auf. Vorwiegend lösen sie Enteritiden und nur in seltenen Fällen (bei Risikogruppen) schwere Erkrankungen aus. Salmonellen gehören zu den Zoonose-Erregern, allerdings erfolgt selten eine Übertragung durch direkten Mensch-Tier-Kontakt, sondern vorwiegend durch die Konsumation kontaminierter Lebensmittel. Weiters ist es möglich, Salmonellen über die Umgebung der Tiere aufzunehmen (zum Beispiel beim Reinigen von Terrarien). Somit unterliegen Menschen mit engerem Kontakt zu Trägertieren oder deren Umgebung (zum Beispiel Halter, Tierärzte, Tierpfleger) einem höheren Risiko.

Salmonellen werden bei Reptilien als physiologischer Bestandteil der intestinalen Mikrobiota angesehen (Bjelland et al., 2020). Sie werden mit den Fäzes ausgeschieden, wobei die Ausscheidung intermittierend erfolgt und Episoden von z.B. Stress die Bakterienlast in den Fäzes erhöhen. Im Normalfall stellen Salmonellen bei diesen Tieren keine primären Krankheitserreger dar, sondern spielen hier nur als Sekundärinfektionserreger eine Rolle (Pasmans et al., 2008). Selten können aber auch schwerwiegende Erkrankungen, besonders in Stresssituationen, bei Reptilien auftreten, wie beispielsweise Septikämien, Abszessbildung, Osteomyelitis, Coelomitis, Salpingitis und Pneumonien (Scheelings et al. 2011).

In zoologischen Einrichtungen können höhere Tierdichten und eine größere Artenvielfalt verzeichnet werden als in Privathaushalten. Daher stellen Salmonellen kein unerhebliches Risiko für Kontakttiere und -personen, insbesondere Besuchergruppen wie Kinder und immunsupprimierte Personen dar. Asymptomatische Trägertiere spielen vor allem beim Austausch von Tieren zwischen verschiedenen zoologischen Einrichtungen (zum Beispiel im Rahmen von Erhaltungszuchtprogrammen) eine wesentliche Rolle.

Bis dato war über das Vorkommen von Salmonellen und ihren Serovaren im Tiergarten Schönbrunn wenig bekannt. Ziel der hier vorliegenden Arbeit war deshalb einen Überblick über die Prävalenz von Salmonellen und deren Serovare zu gewinnen und diese auf etwaige Resistenzen zu überprüfen. Hierfür wurde ein Screening des gesamten Bestandes durchgeführt, wobei es sich bei den Tieren um klinisch unauffällige Reptilien handelte.

2. Literatur

2.1. Salmonellen

2.1.1. Taxonomie und Eigenschaften

Salmonellen sind bewegliche, Gram-negative, fakultativ anaerobe Bakterien (Nataro et al., 2011). Sie sind ca. 2-5µm lang, besitzen eine Breite von 0,7-1,5µm und ein Großteil der Stämme weist eine peritriche Begeißelung auf (Beyaert, 2018). Salmonellen sind ausgesprochen umweltstabile Bakterien, die ubiquitär auftreten. Sie persistieren häufig außerhalb von Tieren in Umgebungen wie Wasser, Erde, Staub und als Epiphyten auf und innerhalb von Pflanzen (Bell et al., 2015). Zur Gattung *Salmonella* zählen zwei Spezies, nämlich *Salmonella enterica* (Kauffmann und Edwards, 1952; Le Minor und Bockemühl, 1989) und die selten auftretende Art *Salmonella bongori* (Le Minor et al., 1982; Reeves et al., 1989). *Salmonella enterica* beinhaltet sechs biochemisch differenzierbare Subspezies, nämlich *enterica* (I) (Kauffmann und Edwards, 1952), *salamae* (II) (Le Minor und Bockemühl 1985), *arizonae* (IIIa) (Borman, 1957; Le Minor und Popoff, 1987), *diarizonae* (IIIb) (Le Minor und Bockemühl, 1985), *houtenae* (IV) (Le Minor und Bockemühl, 1985) und *indica* (VI) (Le Minor und Bockemühl, 1987) und wird gemäß dem White-Kauffmann-Le Minor-Schema in mehr als 2500 Serovare unterteilt (Grimont und Weill, 2007). *Salmonella enterica* kann Laktose, Adonitol, Salicin und Saccharose nicht verstoffwechseln, besitzt aber die Fähigkeit Glucose, Mannitol, Maltose und Sorbitol unter Gasbildung zu fermentieren (Beyaert, 2018). Außerdem können die meisten Salmonellen Sulfate zu Schwefelwasserstoff metabolisieren.

Die Serovar-spezifische Einteilung von Salmonellen nach dem White-Kauffmann-Le Minor-Schema basiert auf der Ausbildung von unterschiedlichen Oberflächenantigenen, nämlich die der somatischen (O, Lipopolysaccharide der Zellwand) Antigene und der Flagellen-Antigene (H) und in geringem Ausmaß auch der Kapselantigene (VI) (Nataro et al., 2011). Agglutinationsreaktionen basierend auf den O-Antigenen werden von den meisten klinisch mikrobiologischen Laboratorien verwendet, um Salmonellen in Serogruppen (A, B, C1, C2, D und E) zu unterteilen (Grimont und Weill, 2007).

2.1.2. Diagnostik

Die Salmonellen-Diagnostik wird traditionell mittels kultureller Verfahren durchgeführt, bei denen verschiedenste, immer selektiver werdende Anreicherungsmedien eingesetzt werden (Andrews et al., 2011; USDA FSIS, 2014). Die direkte Anzucht auf Standardagarplatten, wie zum Beispiel der MacConkey-Agarplatte ist zwar durchaus möglich, doch verwendet man

üblicherweise für eine gezielte Anzucht unterschiedliche Nährmedien mit beigesetzten Wachstumsförderern aber auch Hemmstoffen (Beyaert, 2018). Die Voranreicherung auch von subletal geschädigten Salmonellen, erfolgt meist mithilfe von gepuffertem Peptonwasser. Zur Selektivanreicherung, also Unterdrückung von Begleitkeimen und Ermöglichen des Salmonellenwachstums, werden vorwiegend Tetrathionat-Lösung, Selenit-Bouillon und/oder Rappaport-Vassiliadis-Medium verwendet. Die Anreicherungen werden anschließend auf Selektiv- und Differenzialnährböden überimpft, wie beispielsweise XLD (Xylose-Lysin-Desoxycholat) Agarplatten, die idealerweise andere Bakterien selektiv inhibieren und Salmonellen-Kolonien eindeutig darstellen (Wray und Wray, 2000). Die ideale Vermehrungstemperatur liegt für das Bakterium bei 35-45°C (D'Aoust, 2001). Insgesamt werden durch die Anwendung von Anreicherungs- und Subkultivierungsschritten 4-5 Tage bis zur Ausbildung von Kolonien auf Selektiv- und Differentialnährböden benötigt (Bell et al., 2016).

Anschließend werden bei der konventionellen Salmonellen-Diagnostik die Salmonellenverdächtigen Kolonien mithilfe von miniaturisierten Teststreifensystemen auf biochemische und enzymatische Aktivität, wie beispielsweise der Harnstoffspaltung, β -Galaktosidase-Aktivität, Voges-Proskauer-Reaktion, Indol-Produktion und der Zucker-Fermentation überprüft und dabei art- und unterartdiagnostisch verifiziert (Beyaert, 2018).

Alternativ dazu werden heute sicherere und zuverlässigere Verfahren der Erregeridentifizierung, wie die Matrix-assoziierte Laser Desorption-Ionisierung mit Fluganalyse (engl. *matrix-assisted laser desorption ionization – time of flight*, MALDI-TOF) Massenspektrometrie in der Salmonellen-Diagnostik eingesetzt (Novák et al., 2019). Dabei ist jedoch zu beachten, dass Salmonellen mittels MALDI-TOF nur auf Artebene identifiziert werden können und daher weiterhin biochemische Analysen und die Serotypisierung zur Unterart- und Serovar-Bestimmungen eingesetzt werden (Bilecen et al., 2015).

Der traditionelle Weg der Salmonellen-Serotypisierung basiert auf dem White-Kauffmann-Le Minor-Schema und ist eine phänotypische Methode (Grimont und Weill, 2007). Die Methode beruht auf der Serovarbestimmung basierend auf Agglutination der Bakterien mit spezifischen Antiseren. So können Varianten und Kombinationen der 46 O- und 112 H- Antigene identifiziert werden und die Antigenformel einem Serovar-Eigennamen (falls vorhanden) zugeordnet werden (Issenhuth-Jeanjean et al., 2014).

Als eine schnelle, einfache in der Durchführung und sensitive Methode kann die quantitative Multiplex PCR (qPCR) zur Detektion verschiedener *Salmonella* Serovare angewendet werden (ISO, 2005; Hadjinicolaou et al., 2009; Lee, 2009; Paião, 2013; Rajtak, 2011; Saeki, 2013).

Mithilfe der qPCR kann innerhalb von 24 Stunden die Aussage getroffen werden, ob eine Anreicherung positiv oder negativ auf *Salmonella* ist, während rein kulturbasierte Verfahren bis zur Erregeridentifikation viel zeitintensiver sind. Die frühere Identifikation von positiven Proben durch qPCR macht eine frühere Intervention und Prävention möglich (Heymans et al., 2018). Weiters besteht die Möglichkeit sowohl eine konventionelle, qualitative PCR, als auch eine quantitative real-time PCR zum Direktnachweis heranzuziehen (Holschbach und Peek, 2018).

2.1.3. Salmonellen bei Menschen

Die für Menschen pathogenen Salmonellen-Serovare werden vorrangig der Unterart *Salmonella enterica* subsp. *enterica* zugeordnet (Nataro et al., 2011). Eine grobe Einteilung dieser Serovare erfolgt in typhoide und nicht-typhoide Salmonellen, basierend auf den von ihnen hervorgerufenen Krankheitssymptomen. Innerhalb der Gruppe der typhoiden Salmonellen findet man die Serovare Typhi und Paratyphi A-C, die typischerweise systemische Infektionen mit nur gelegentlich auftretender oder keiner Diarrhoe auslösen. Die viel umfangreichere Gruppe der nicht-typhoiden Salmonellen induziert vorwiegend eine akute, meist selbst-limitierende Gastroenteritis (Haeusler und Curtis, 2013).

Salmonella Typhi und *Salmonella* Paratyphi treten für gewöhnlich nur in endemischen Gebieten und bei Reisenden in diesen Ländern auf, wohingegen nicht-typhoide Salmonellen eine weltweite Ausbreitung aufweisen (Haeusler und Curtis, 2013). *Salmonella* Typhi und im geringeren Ausmaß *S. Paratyphi* werden als wirtsspezifisch für Menschen angesehen. Im Vergleich hierzu kann eine Übertragung von nicht-typhoiden Salmonellen sowohl von Menschen als auch von Tieren und tierischen Produkten ausgehen. Die häufigste Ansteckungsquelle stellen hierbei Geflügel und Eier dar. Andere potenzielle Reservoirs und somit Infektionsquellen sind Katzen, Hunde, Nager und Reptilien (Braden, 2006; Hohmann, 2001). Die Ausscheidung von Salmonellen bei diesen Tierarten erfolgt intermittierend und die ausgeschiedene Bakterienmenge steigt während Stressperioden, wie sie beispielsweise bei Transport, Handling, Krankheit oder suboptimalen Umweltbedingungen auftreten (Scheelings et al., 2011).

Global gesehen sind Salmonellen, laut der WHO (World Health Organization), eine der wichtigsten Auslöser von Durchfallerkrankungen beim Menschen. Meist sind diese Erkrankungen mit einer vorhergegangenen Konsumation kontaminierter Speisen tierischen Ursprungs assoziiert (WHO, 2018). In den USA werden jährlich etwa 1,35 Millionen Krankheitsfälle, 26.500 Krankenhausaufenthalte und 420 Todesfälle aufgrund einer nicht-

typhoiden Salmonelleninfektion gezählt (CDC, 2019). An einer Salmonellen-Infektion erkrankte Menschen sind meist Kinder, ältere und immunsupprimierte Personen (WHO, 2018). Die Erregeraufnahme erfolgt meist durch Konsumation von unterkochtem Fleisch, Geflügel und Eiern, kann aber auch beim Rohverzehr von kontaminiertem Obst und Gemüse auftreten (CDC, 2007). Beispielsweise kam es im Jahr 2007 zu einer Infektion von über 1.400 Menschen mit *Salmonella* Saintpaul aufgrund der Konsumation von Tomaten, Jalapenos und Serrano-Chili (Klontz et al., 2010).

Eine Erregerübertragung kann auch durch direkten Kontakt mit Tieren und deren Ausscheidungen erfolgen (Corrente et al., 2004; Ebani et al., 2005). Weitere Übertragungswege stellen Bisse oder Kratzverletzungen aber auch bei Tierkontakt getragene Kleidung dar (Böhme et al., 2009; Foster und Kerr, 2005). Größtenteils präsentiert sich die Infektion mit nicht-typhoiden Salmonellen als milde Gastroenteritis und eine Vielzahl der Fälle verläuft vermutlich unbemerkt (Rabsch et al., 2013; Geue und Löschner, 2002). Gravierende Verläufe mit Symptomen wie Septikämie, Meningitis oder Arthritis kommen vor, sind allerdings hauptsächlich bei Kindern und immunsupprimierten Personen beschrieben (Celluci et al., 2010; CDC, 2008; Di Bella et al., 2013; Hoelzer et al., 2011; Kolker et al., 2012; Lafuente et al., 2013; Pees et al., 2013). Die weltweit am häufigsten bei Menschen nachgewiesenen Serovare sind *Salmonella* Typhimurium und *Salmonella* Enteritidis (WHO, 2018). Der Schweregrad einer Salmonellen-Erkrankung hängt vorwiegend vom beteiligten Serovar und der Gesundheit der betroffenen Person ab (Eng et al., 2015).

2.1.4.Pathogenese

Salmonellen gelangen über den oralen Infektionsweg in den Wirtsorganismus. Die Pathogenese der Salmonellen-Infektion zeichnet sich durch Adhäsion an das Darmepithel, Zell- und Gewebeinvasion, intrazelluläre Vermehrung und Erregerpersistenz aus. Salmonellen-Stämme, die diese Eigenschaften und Fähigkeiten nicht besitzen gelten als schwach oder avirulent (Bakowski et al., 2008).

Zur Pathogenese der Salmonellen-Infektion tragen wesentlich Typ-III Sekretionssysteme (T3SS), die auf zwei Pathogenitätsinseln (SPI-1 und SPI2) lokalisiert sind, bei. T3SS/SPI-1 induziert dabei die Aufnahme in spezialisierte M-Zellen des Darms. Anschließend erfolgt eine Translokation in Peyer-Plaques und eine Aufnahme des Bakteriums in phagozytierende Zellen wie Makrophagen, neutrophile Granulozyten, Monozyten oder dendritische Zellen (Kurtz et al., 2017). Bakterielle Lipopolysaccharide (LPS) werden von diesen mittels dem Toll-like-

Rezeptor 4 erkannt (Kaiser und Hardt, 2011). Innerhalb der phagozytierenden Zelle wird das Bakterium in einer Vakuole (Salmonellen-enhaltende-Vakuole) eingeschlossen, die unter normalen Umständen mit dem Lysosom verschmelzen und so die Lyse von Salmonellenzellen hervorrufen würde. Durch verschiedene Mechanismen wird die Vakuole jedoch umstrukturiert und somit die Verschmelzung verhindert, wodurch intrazellulärer Parasitismus und Vermehrung ermöglicht wird (Eng et al., 2015). T3SS/SPI-1 und T3SS/SPI-2 sezernieren Effektorproteine, die Veränderungen in den Wirtszellen bewirken, wie zum Beispiel eine Umstrukturierung der Zellmembran oder des Zytoskeletts. Diese Mechanismen machen die Zellinvasion, vor allem in Makrophagen, möglich (House et al., 2001; Hensel et al., 1997). Durch das T3SS/SPI-2 werden außerdem Effektorproteine aus der Salmonellen-enhaltenden Vakuole ins Zytoplasma injiziert, die die intrazelluläre Vermehrung ermöglichen (Steele-Mortimer, 2008; Gorvel und Méresse, 2001; Bakowski et al., 2008). Die bei der Apoptose der Makrophagen entweichenden Salmonellenzellen invadieren schließlich umliegende Gewebszellen sowie weitere phagozytierende Zellen (Kaur und Jain, 2012; Hurley et al. 2014). Außerdem werden Salmonellen über dendritische Zellen zu den mesenterialen Lymphknoten transportiert, in denen sie jahrelang persistieren können (latente Infektion) und von denen eine Reaktivierung ausgehen kann (Kaur und Jain, 2012; Gunn et al. 2014; Hurley et al. 2014).

2.1.5. Salmonellen bei Haus- und Nutztieren

Die meisten bei Säugetieren und Vögeln nachgewiesenen und gelegentlich krankheitsauslösenden Salmonellen sind Serovare von *Salmonella enterica* ssp. *enterica* (Hale et al., 2012; Baumber et al., 1998). Viele dieser Serovare weisen ein breites Wirtsspektrum auf und können bei Menschen, Vögeln, Schweinen, Wiederkäuern, Pferden, Hunden und Katzen nachgewiesen werden (Silva et al., 2014). Bei Säugetieren können diese Stämme eine Vielfalt an Symptomen auslösen. Hierzu zählen Diarrhö, Erbrechen und Fieber bis hin zu Krankheitszeichen einer Allgemeininfektion (Saphra und Winter, 1975). Nur wenige der Serovare von *Salmonella enterica* ssp. *enterica* sind strikt humanassoziiert ohne tierisches Reservoir, wie zum Beispiel das Serovar Typhi. Viele der restlichen Serovare sind nicht wirtsadaptiert und weisen daher zoonotisches Potential auf (Hale et al., 2012; Baumber et al., 1998).

Zu den wirtsadaptierten Serovaren zählt Serovar Dublin mit Anpassung an Rinder, welche allerdings auch an Infektionen mit anderen Serovaren wie *S. Typhimurium* erkranken können. Beim Schwein (und Wildschwein) sind *S. Choleraesuis* und Derby als Krankheitserreger bei Absetzferkeln und Jungschweinen bekannt. Schafe können sich mit dem Aborterreger *S.*

Abortusovis infizieren oder an Durchfällen durch nicht wirtsadaptierte Serovare erkranken. Auch beim Pferd kann ein wirtsadaptiertes Serovar, *S. Abortusequi*, Aborte vor allem ab dem 4. Trächtigkeitsmonat auslösen. Gelegentlich treten beim Pferd auch Infektionen mit nicht wirtsadaptierten Serovaren auf, die entweder symptomlos bleiben oder Durchfallerkrankungen bis hin zu schweren Allgemeinerkrankungen hervorrufen können. Hunde und Katzen sind wesentlich resistenter gegenüber Salmonellen-Infektionen und besitzen keine wirtsadaptierten Serovare. Infektionen verlaufen meist unentdeckt und führen nur in Kombination mit anderen Faktoren zu gastrointestinaler Symptomatik. Bei Hühnern ist als Krankheitserreger *S. Gallinarum* mit seinen beiden Biovarn Pullorum (weiße Kükenruhr) und Gallinarum (Hühnertyphus) bekannt. Dieses Serovar kann auch bei Puten und anderen Vogelarten auftreten, ist jedoch augenscheinlich nicht auf Säugetiere übertragbar. Nicht wirtsadaptierte Serovare treten bei Hühnern, Puten und Wassergeflügel sehr häufig auf, führen meist nur zu latenten Infektionen, spielen jedoch eine wesentliche Rolle als Lebensmittelinfektionserreger. In Österreich werden in diesem Zusammenhang am häufigsten *S. Enteritidis*, *Typhimurium* und *Infantis* nachgewiesen (AGES, 2021).

2.1.6. Salmonellen bei Reptilien

Salmonellen werden im Allgemeinen als ein physiologischer Bestandteil der intestinalen Mikrobiota von Reptilien angesehen (Bjelland et al., 2020). Mit Salmonellen besiedelte Reptilien erkranken normalerweise nicht, nichtsdestotrotz können auch Sekundärinfektionen mit Salmonellen bei vorliegender Primärerkrankung auftreten. In seltenen Fällen können Salmonellen auch Primärerreger sein (Pasmans et al., 2008).

Eine klinisch apparente Infektion beginnt auch bei Reptilien im Gastrointestinaltrakt. Nach Translokation und hämatogener Ausbreitung gelangt der Erreger zu anderen Organen. Die durch Salmonellen verursachten pathologischen Veränderungen beinhalten zum Beispiel nekrotisierende Enteritiden, granulomatöse Hepatitiden und proliferative Osteomyelitiden (Wellehan und Divers, 2019). Eine Studie konnte *Salmonella* als den häufigsten Erreger vertebraler Osteomyelitis bei Schlangen identifizieren, wobei die Serovare nicht bestimmt wurden (Isaza et al., 2000).

Von den sechs *Salmonella enterica* Unterarten sind sowohl bei wildlebenden als auch bei in menschlicher Obhut gehaltenen Reptilien am häufigsten die Subspezies *arizonae* (IIIa) und *diarizonae* (IIIb) nachzuweisen. Bei Menschen beschriebene Infektionen mit diesen beiden Unterarten betreffen hauptsächlich Kinder, geriatrische und immunsupprimierte Personen (Wellehan und Divers, 2019). Als Krankheitsauslöser bei Reptilien ist die Subspezies *arizonae*

vorreitend, wobei Fallberichte über Verluste von Schlangen in Zusammenhang mit einer Infektion mit *Salmonella enterica* ssp. *arizonae* mit den Geißelantigenen z4 und z23 vorliegen (Lamberski et al., 2002; Bemis et al., 2007). Ebenso liegen Berichte über Infektionen mit *Salmonella enterica* ssp. *arizonae* (z4/z23+) bei Kindern vor, die mit Reptilien in einem Haushalt lebten (Tabarani et al., 2010).

Weiters konnten bei in menschlicher Obhut gehaltenen Reptilien auch Vertreter von *Salmonella enterica* ssp. *enterica* nachgewiesen werden, wie zum Beispiel die Serovare Poona, Java, Pomona, Newport, Saintpaul und Muenchen. Bei wildlebenden Reptilien konnten diese Serovare nur gelegentlich nachgewiesen werden, allerdings besteht hier noch Forschungsbedarf (Wellehan und Divers, 2019).

Für die klinische Salmonellose kann zur diagnostischen Abklärung eine Blutkultur von Vorteil sein, da betroffene Tiere oft Symptome einer Septikämie zeigen (Wellehan und Divers, 2019). Bei einem asymptomatischen Tier mit einer Salmonellen-positiven Stuhlprobe ist von einer antibiotischen Behandlung dringend abzuraten, da hierdurch Resistenzen gefördert werden können und es zu einer Zerstörung der physiologischen Darmflora kommen kann (Ng et al, 2013). Finlay et al. beschreiben, dass von einer antibiotischen Behandlung von Salmonellen bei Reptilien abzusehen ist, zumal diese nicht vollständig eradiziert werden können und so nur die Entstehung resistenter Stämme gefördert wird (Finlay et al., 2015). Chirurgische Entfernung von Granulomen kann hilfreich sein. Im Falle von vertebrealen Osteomyelitiden bei Schlangen ist eine chirurgische Intervention nicht erfolgsversprechend und die Prognose schlecht (Wellehan und Divers, 2019).

3. Material und Methoden

3.1. Probenentnahme

Die Proben wurden im Rahmen der Reinigungsarbeiten von Tierpfleger:innen des Tiergarten Schönbrunn entnommen. Es handelte sich hierbei, abhängig von der anfallenden Kotmenge in den einzelnen Terrarien, entweder um Sammelkot- (>2g) oder Tupferproben (<2g). Die Entnahme erfolgte ohne physischen Kontakt zu den Tieren. Sowohl Kotröhrchen als auch Tupfer (Sterile transport swab, Heinz Herenz, Deutschland) wurden sofort nach Gewinnung des Probenmaterials im Probenkühlschrank des Tiergartens gekühlt gelagert. Nach maximal 5 Tagen wurden die Gefäße abgeholt. Um eine Unterbrechung der Kühlkette zu vermeiden,

erfolgte der Transport an das Institut für Mikrobiologie der Veterinärmedizinischen Universität Wien in einer Styroporbox mit Kühlakkus.

Ein Salmonellen-negatives Kulturergebnis wurde idealerweise mit zwei weiteren Beprobungen im Abstand von jeweils 14 Tagen entweder bestätigt oder widerlegt. Im Falle eines Salmonellen-positiven Ergebnisses wurde auf eine weitere Probennahme verzichtet. Der unzuverlässige und niederfrequente Kotabsatz vieler Reptilienarten verhinderte das Sammeln von drei Kotproben in einigen Terrarien. Zusätzlich machten es bauliche Gegebenheiten (Wasserbecken, Höhlen, usw.) und extrem seltener Kotabsatz bei wenigen Arten gänzlich unmöglich Kotproben zu gewinnen.

3.2. Beprobte Terrarien

Insgesamt wurden im Rahmen dieser Studie 181 Terrarien beprobt. Die meisten befanden sich im selben Gebäude jedoch räumlich getrennt (siehe Liste). Die restlichen Proben stammen aus dem Regenwaldhaus, das sich in einem anderen Teil des Tiergartens Schönbrunn befindet. Pro Terrarium wurde eine Probe entnommen, da es nicht möglich war zu unterscheiden, welcher Kot von welchem Individuum innerhalb einer Gruppe in einem Terrarium stammt.

Tabelle 1: Stammdatenblatt der beprobten Terrarien

Terrarium	Art	Deutscher Name	Geschlecht
Großterrarienraum			
GTR1	<i>Corucia zebrata</i>	Salomonenskink	1.1.0
GTR2	<i>Corucia zebrata</i>	Salomonenskink	0.1.0
GTR3	<i>Gastropholis prasina</i>	Grüne Baumschleiche	2.1.0
GTR4	<i>Gastropholis prasina</i>	Grüne Baumschleiche	1.1.0
GTR6	<i>Varanus macraei</i>	Blauer Baumwaran	0.1.0
GTR7	<i>Gastropholis prasina</i>	Grüne Baumschleiche	1.1.0
GTR8	<i>Gonocephalus</i> sp.	Winkelkopfagame	0.0.1
GTR10/11	<i>Iguana delicatissima</i>	Kleiner Antillen - Leguan	0.0.8
GTR12	<i>Iguana delicatissima</i>	Kleiner Antillen - Leguan	1.0.0
GTR13	<i>Dracaena guianensis</i>	Krokodilteju	1.1.0
GTR14	<i>Ctenosaura melanosterna</i>	Schwarzbrustleguan	1.0.0
GTR15/16	<i>Iguana delicatissima</i>	Kleiner Antillen -Leguan	1.4.0

GTR18	<i>Dracaena guianensis</i>	Krokodilteju	0.1.0
GTR19/20	<i>Morelia carinata</i>	Rauschuppenpython	1.2.1
GTR21/22	<i>Cyclura cychlura</i> <i>figginsi</i>	Exuma Insel - Leguan	1.1.0
GTR23	<i>Corucia zebrata</i>	Salomonenskink	0.0.1
GTR24/25/26	<i>Cyclura cychlura</i> <i>figginsi</i>	Exuma Insel - Leguan	1.1.0
Kleinterrarienraum			
KTR1	<i>Python regius</i>	Königspython	0.0.1
KTR2	<i>Python regius</i>	Königspython	1.1.0
KTR4	<i>Pholidoscelis</i> <i>chrysolaemus</i>	Haiti - Ameive	0.0.5
KTR5	<i>Egernia stokesii</i>	Dornschwanzskink	0.0.1
	<i>Varanus acanthurus</i>	Stachelschwanzwaran	2.1.0
KTR6	<i>Pogona barbata</i>	Östliche Bartagame	1.1.0
KTR8	<i>Chondrodactylus</i> <i>angulifer</i>	Namib-Sandgecko	4.0.0
KTR9	<i>Varanus primordius</i>	Zwergwaran	2.2.0
KTR11	<i>Varanus acanthurus</i>	Stachelschwanzwaran	0.0.3
KTR12	<i>Chondrodactylus</i> <i>angulifer</i>	Namib - Sandgecko	1.2.0
KTR13	<i>Rhoptropus</i> <i>bradfieldi</i>	Bradfields Taggecko	1.2.0
KTR14	<i>Rhoptropus afer</i>	Namib - Taggecko	0.0.3
KTR15	<i>Pachydactylus kochii</i>	Kochs - Gecko	0.0.1
KTR17	<i>Phelsuma laticauda</i>	Goldstaub - Taggecko	0.0.1
KTR18	<i>Chondrodactylus</i> <i>angulifer</i>	Namib - Sandgecko	2.4.0
KTR19	<i>Varanus macraei</i>	Blauer Baumwaran	1.0.0
KTR20	<i>Varanus macraei</i>	Blauer Baumwaran	1.0.0
KTR23	<i>Ouroborus</i> <i>cataphractus</i>	Panzergürtelschweif	0.0.1
KTR25	<i>Trachylepis sulcata</i>	westlicher Felsenskink	1.0.0

Tejuraum			
TR1	<i>Dracaena guianensis</i>	Krokodilteju	0.1.0
TR2	<i>Dracaena guianensis</i>	Krokodilteju	1.0.0
TR3	<i>Dracaena guianensis</i>	Krokodilteju	0.1.0
TR4	<i>Dracaena guianensis</i>	Krokodilteju	1.0.0
TR5	<i>Shinisaurus crocodilurus</i>	Chinesische Krokodilschwanzechse	0.0.7
TR6	<i>Shinisaurus crocodilurus</i>	Chinesische Krokodilschwanzechse	0.0.4
TR7	<i>Shinisaurus crocodilurus</i>	Chinesische Krokodilschwanzechse	0.0.4
TR8	<i>Lygodactylus williamsi</i>	Himmelblauer Zwergtaggecko	1.0.0
TR9	<i>Lygodactylus williamsi</i>	Himmelblauer Zwergtaggecko	1.1.0
TR10	<i>Gastropholis prasina</i>	Grüne Baumschleiche	0.0.1
Giftraum			
GR1	<i>Bitis rhinoceros</i>	Östliche Gabunvipser	1.0.0
GR9	<i>Parias flavomaculatus</i>	Gelbgepunktete Bambusotter	0.0.1
GR10	<i>Parias flavomaculatus</i>	Gelbgepunktete Bambusotter	0.0.1
GR11	<i>Tropidolaemus subannulatus</i>	Philippinische Tempelvipser	0.0.1
GR12	<i>Tropidolaemus subannulatus</i>	Philippinische Tempelvipser	0.0.1
GR17	<i>Tropidolaemus subannulatus</i>	Philippinische Tempelvipser	0.0.1
GR18	<i>Tropidolaemus subannulatus</i>	Philippinische Tempelvipser	0.0.1
Moreliaraum			
MR2	<i>Morelia carinata</i>	Rauschuppenpython	0.0.1
MR4	<i>Morelia carinata</i>	Rauschuppenpython	0.0.1

MR5	<i>Morelia carinata</i>	Rauschuppenpython	0.0.1
MR7	<i>Morelia carinata</i>	Rauschuppenpython	0.0.1
MR9	<i>Pristurus carteri</i>	Skorpionschwanzgecko	0.0.1
MR10	<i>Pristurus carteri</i>	Skorpionschwanzgecko	0.0.1
MR11	<i>Pristurus carteri</i>	Skorpionschwanzgecko	0.0.1
MR12	<i>Pristurus carteri</i>	Skorpionschwanzgecko	0.0.1
MR13	<i>Pristurus carteri</i>	Skorpionschwanzgecko	0.0.1
MR14	<i>Pristurus carteri</i>	Skorpionschwanzgecko	0.0.1
MR15	<i>Pristurus carteri</i>	Skorpionschwanzgecko	0.0.1
Dorisraum			
DR1	<i>Uroplatus henkeli</i>	Blattschwanzgecko	1.0.0
DR2	<i>Uroplatus henkeli</i>	Blattschwanzgecko	0.1.0
DR3	<i>Uroplatus henkeli</i>	Blattschwanzgecko	0.1.0
DR4	<i>Shinisaurus crocodilurus</i>	Chinesische Krokodilschwanzzechse	1.1.0
DR5	<i>Shinisaurus crocodilurus</i>	Chinesische Krokodilschwanzzechse	1.1.0
DR6	<i>Shinisaurus crocodilurus</i>	Chinesische Krokodilschwanzzechse	0.0.8
DR7	<i>Shinisaurus crocodilurus</i>	Chinesische Krokodilschwanzzechse	0.0.3
DR8	<i>Shinisaurus crocodilurus</i>	Chinesische Krokodilschwanzzechse	0.0.10
DR9	<i>Shinisaurus crocodilurus</i>	Chinesische Krokodilschwanzzechse	0.0.7
DR10	<i>Shinisaurus crocodilurus</i>	Chinesische Krokodilschwanzzechse	1.1.0
A	<i>Trioceros jacksonii xantholophus</i>	Mount-Kenia- Dreihornchamäleon	1.2.0
B	<i>Trioceros jacksonii xantholophus</i>	Mount-Kenia- Dreihornchamäleon	1.2.0
C	<i>Trioceros jacksonii xantholophus</i>	Mount-Kenia- Dreihornchamäleon	1.1.0

D	<i>Trioceros jacksonii xantholophus</i>	Mount-Kenia-Dreihornchamäleon	1.1.0
Schildkrötenraum			
SR1	<i>Pseudogekko smaragdinus</i>	Smaragdgecko	0.0.2
SR2	<i>Pseudogekko smaragdinus</i>	Smaragdgecko	1.1.0
SR3	<i>Pseudogekko smaragdinus</i>	Smaragdgecko	1.1.4
SR4	<i>Pseudogekko smaragdinus</i>	Smaragdgecko	1.1.0
SR5	<i>Pseudogekko smaragdinus</i>	Smaragdgecko	1.1.0
SR6	<i>Pseudogekko smaragdinus</i>	Smaragdgecko	1.1.0
SR7	<i>Testudo kleinmanni</i>	Ägyptische Landschildkröte	0.0.4
SR8	<i>Testudo kleinmanni</i>	Ägyptische Landschildkröte	3.1.0
SR9	<i>Testudo kleinmanni</i>	Ägyptische Landschildkröte	1.1.0
SR10	<i>Testudo graeca</i>	Maurische Landschildkröte	0.1.0
SR11	<i>Cuora mouhotii</i>	Indische Dornschildkröte	1.4.0
SR12a	<i>Cuora mouhotii</i>	Indische Dornschildkröte	0.0.1
SR12b	<i>Cuora mouhotii</i>	Indische Dornschildkröte	0.0.1
SR13	<i>Erpeton tentaculatum</i>	Fühlerschlange	0.0.4
SR14li	<i>Abronia graminea</i>	Grüne Baumschleiche	1.0.0
SR15re	<i>Abronia graminea</i>	Grüne Baumschleiche	1.0.0
Wüstenbewohnerzuchtraum			
DBR1	<i>Platysaurus broadleyi</i>	Broadleys Flacheidechse	1.0.1

DBR2	<i>Pristurus carteri</i>	Skorpionschwanzgecko	1.1.0
DBR3	<i>Gastropholis prasina</i>	Grüne Baumschleiche	1.1.0
DBR4/5	<i>Omanosaurus jayakari</i>	Omaneidechse	0.0.2
DBR6	<i>Platysaurus broadleyi</i>	Broadleys Flacheidechse	1.1.0
DBR7	<i>Sauromalus hispidus</i>	Chuckwalla	1.0.0
DBR9	<i>Ptenopus garrulus maculatus</i>	Bellgecko	1.1.0
DBR11	<i>Omanosaurus jayakari</i>	Omaneidechse	0.0.4
DBR14	<i>Gastropholis prasina</i>	Grüne Baumschleiche	1.1.0
DBR15	<i>Pristurus carteri</i>	Skorpionschwanzgecko	1.0.0
DBR17	<i>Uromastyx thomasi</i>	Oman - Dornschwanzagame	1.0.0
DBR18	<i>Platysaurus broadleyi</i>	Broadleys Flacheidechse	0.0.4
DBR19	<i>Ouroborus cataphractus</i>	Pannergürtelschweif	0.1.0
DBR21/22	<i>Platysaurus broadleyi</i> <i>Ouroborus cataphractus</i>	Broadleys Flacheidechse Pannergürtelschweif	0.0.2
DBR23	<i>Ouroborus cataphractus</i>	Pannergürtelschweif	1.0.0
DBR24	<i>Gastropholis prasina</i>	Grüne Baumschleiche	0.0.1
DBR26	<i>Pristurus carteri</i>	Skorpionschwanzgecko	0.0.2
DBR27	<i>Pristurus carteri</i>	Skorpionschwanzgecko	0.0.1
DBR29	<i>Gastropholis prasina</i>	Grüne Baumschleiche	0.0.1
DBR30	<i>Pristurus carteri</i>	Skorpionschwanzgecko	0.0.1
DBR31	<i>Gastropholis prasina</i>	Grüne Baumschleiche	0.0.2

DBR32	<i>Namazonurus lawrenci</i>	Lawrencis Gürtelschweif	0.0.10
Terrarium-Schau			
TSchau1	<i>Cyclura cornuta</i>	Nashornleguan	1.2.0
TSchau2	<i>Naja naja</i>	Monokelkobra	0.0.1
Tschau3	<i>Bitis rhinoceros</i>	Östliche Gabunvipser	1.1.0
TSchau4	<i>Eunectes murinus</i>	Grüne Anakonda	0.1.0
TSchau5	<i>Aldabachelys gigantea</i>	Aldabra-Riesenschildkröte	2.1.0
Tschau6	<i>Crocodylus moreletti</i>	Beulenkrokodil	1.1.0
Tschau7	<i>Varanus macraei</i>	Blauer Baumwaran	1.0.0
Tschau 8			
Regenwaldhaus			
am Gang	<i>Brachylophus fasciatus</i>	Fidschi - Leguan	1.1.0
GT1	<i>Brachylophus fasciatus</i>	Fidschi - Leguan	1.1.0
GT2	<i>Brachylophus fasciatus</i>	Fidschi - Leguan	1.0.0
GT3	<i>Brachylophus fasciatus</i>	Fidschi - Leguan	1.0.0
GT4	<i>Brachylophus fasciatus</i>	Fidschi-Leguan	
GT5	<i>Lanthanotus borneensis</i>	Taubwaran	1.1.0
GT6	<i>Brachylophus fasciatus</i>	Fidschi-Leguan	
Schlangenraum1	<i>Malayopython reticulatus</i>	Netzpython	1.1.0
E1/2	<i>Lanthanotus borneensis</i>	Taubwaran	1.1.0
E3/4	<i>Lanthanotus borneensis</i>	Taubwaran	1.1.0

E5/6	<i>Lanthanotus borneensis</i>	Taubwaran	1.1.0
E7	<i>Lanthanotus borneensis</i>	Taubwaran	1.1.0
E8	<i>Malayopython reticulatus</i>	Netzpython	1.0.0
E9/10	<i>Lanthanotus borneensis</i>	Taubwaran	1.1.0
E11	<i>Malayopython reticulatus</i>	Netzpython	0.1.0
E13/14	<i>Tropidophorus sp.</i>	Wasserskink	0.0.3
E15	<i>Python reticulatus</i>	Netzpython	0.1.0
E16	<i>Python reticulatus</i>	Netzpython	1.0.0
Lupenblick	<i>Brachylophus fasciatus</i>	Fidschi - Leguan	1.1.0
Chamäleon-Raum (beschlagnehmte Tiere)			
1	<i>Kinyongia matschiei</i>	Matschies Zweihornchamäleon	1.0.0
2	<i>Kinyongia vosseleri</i>	Usambara Chamäleon	1.0.0
3	<i>Kinyongia matschiei</i>	Matschies Zweihornchamäleon	0.1.0
6	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Pygmäen Chamäleon	0.0.1
7	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Pygmäen Chamäleon	0.0.1
8	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Pygmäen Chamäleon	0.0.1
9	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Pygmäen Chamäleon	0.0.1
10	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Pygmäen Chamäleon	0.0.1
11	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Pygmäen Chamäleon	0.0.1

12	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Chamäleon	Pygmäen	0.0.1
13	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Chamäleon	Pygmäen	0.0.1
14	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Chamäleon	Pygmäen	0.0.1
15	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Chamäleon	Pygmäen	0.0.1
16	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Chamäleon	Pygmäen	0.0.1
17	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Chamäleon	Pygmäen	0.0.1
18	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Chamäleon	Pygmäen	0.0.1
19	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Chamäleon	Pygmäen	0.0.1
21	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Chamäleon	Pygmäen	0.0.1
22	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Chamäleon	Pygmäen	0.0.1
23	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Chamäleon	Pygmäen	0.0.1
25	<i>Kinyongia fischeri</i>	Fischers Chamäleon		0.1.0
26	<i>Kinyongia fischeri</i>	Fischers Chamäleon		0.1.0
27	<i>Kinyongia vosseleri</i>	Usambara Chamäleon		0.1.0
28	<i>Rhampholeon brevicaudatus</i>	Stummelschanzchamäleon		0.0.1
29/31	<i>Rieppeleon kerstenii</i>	Somali-Zwergchamäleon		1.1.0
30	<i>Rhampholeon temporalis</i>	Ost-Usambara Pygmäenchamäleon		1.0.0
32	<i>Rhampholeon temporalis</i>	Ost-Usambara Pygmäenchamäleon		0.1.0
33	<i>Rieppeleon kerstenii</i>	Somali Zwergchamäleon		0.1.0

35	<i>Kinyongia oxyrhina</i>	Scharfnasenchamäleon	0.1.0
36	<i>Kinyongia oxyrhina</i>	Scharfnasenchamäleon	0.1.0
37	<i>Kinyongia oxyrhina</i>	Scharfnasenchamäleon	1.0.0
39	<i>Kinyongia vosseleri</i>	Usambara Chamäleon	0.1.0
41	<i>Kinyongia oxyrhina</i>	Scharfnasenchamäleon	0.1.0
42	<i>Kinyongia oxyrhina</i>	Scharfnasenchamäleon	0.1.0
P1	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Pygmäen Chamäleon	0.0.1
P2	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Pygmäen Chamäleon	0.0.1
P3	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Pygmäen Chamäleon	0.0.1
P4	<i>Rhampholeon acuminatus</i>	Nguru Pygmäen Chamäleon	0.0.1

3.3. Anreicherung und Kultivierung

Nach dem Verbringen der im Tiergarten entnommenen Sammelkot- bzw. Kottupferproben an das Institut für Mikrobiologie der Veterinärmedizinischen Universität Wien, wurden diese durch Anreicherungsverfahren kulturell auf Salmonellen untersucht. Die Voranreicherung erfolgte in gepuffertem Peptonwasser (VWR Chemicals, USA). Hierfür wurde aus Sammelkotröhrchen mittels eines sterilen Stieltupfers (Raucotupf, Lohmann und Rauscher, Österreich) Material in das Nährmedium verbracht und die Tupfer am Stiel abgebrochen. Anschließend erfolgte eine Inkubation bei 37°C für 24h.

Im Folgeschritt wurden für die Selektivanreicherung je 100µl der Voranreicherung in Rappaport-Vassiliadis-Bouillon (Thermo Fisher, USA) und in Selenit-Cystin-Bouillon (Merck KGaA, Deutschland) überimpft und bei 42°C für 24h inkubiert. Anschließend wurde jeweils die gleiche Menge (100 µl) beider Selektivanreicherungen auf Xylose-Lysin-Desoxycholat-Agar (XLD-Agar, Becton Dickinson, USA), ein Selektiv- und Differenzialnährboden für gramnegative enterische Mikroorganismen, mit einem Stieltupfern ausgestrichen und zwei Verdünnungsausstriche mithilfe von Metallösen angefertigt. Die Platten wurden in den Brutraum verbracht und dort bei 37°C aerob für 24h bebrütet.

Nach der Entnahme der XLD-Platten aus dem Brutraum wurden diese auf Salmonellen-verdächtige Kolonien (rote Kolonien mit oder ohne Schwarzfärbung im Koloniezentrum) untersucht. Im Falle eines visuell negativen Ergebnisses wurden die Agarplatten für weitere 24h bei Raumtemperatur inkubiert und anschließend erneut überprüft. Im Falle einer Überwucherung und schwerer Abtrennbarkeit einzelner Kolonien wurde von verdächtigen Stellen eine Subkultur abermals auf XLD-Agar mittels Metalllösenausstrich angefertigt.

3.4. MALDI -ToF MS

Zur eindeutigen Identifizierung der Isolate wurde eine Matrix-assistierte Laser Desorption-Ionisierung mit Fluganalyse (MALDI-ToF) durchgeführt. Hierfür wurde wenig Material von Einzelkolonien entnommen und auf eine MALDI-Trägerplatte (96-Feld Stahlplatte) aufgetragen und regelmäßig verteilt. Im nächsten Schritt wurde 1 µl 70%ige Ameisensäure (Sigma Aldrich, Österreich) auf das Koloniematerial pipettiert. Das Trocknen erfolgte unter visueller Kontrolle im Abzug. Anschließend wurde auf jedes benutzte Feld je 1 µl Alpha-Cyano-4-Hydroxizimtsäure-Matrixlösung aufgetragen und luftgetrocknet.

Nach Einlegen der Trägerplatte erfolgte die massenspektrometrische Analyse durch den MALDI-ToF-Microflex LT Biotyper (Bruker, Deutschland) unter Einsatz der Kontrollsoftware Flex Control 3.4 sowie der Auswertungssoftware MBT Compass Explorer 4.1.

Dabei wurden Spektren generiert, die automatisch mit einer systemintegrierten Referenzspektren-Datenbank verglichen wurden. Beim Vergleich wurden numerische Identifikationswerte (Scores) erstellt, mit deren Hilfe man die Aussage stellen konnte, ob die Identifikation auf Art- oder Gattungsebene erzielt wurde:

- >2.00 → Identifizierung auf Artebene
- 1.7-2.00 → Identifizierung auf Gattungsebene
- <1.7 → „No Identification possible“ → unbekanntes Spektrum

Bei Vorliegen eines niedrigen Scorewertes (<1.7) und somit keiner eindeutigen Identifizierung, wurde erneut Koloniematerial entnommen und dieses einer weiteren MALDI-ToF-Analyse unterzogen.

3.5. Einfrieren und Übersenden der Proben

Die gewonnenen Salmonellen-Isolate wurden auf MacConkey-Agar subkultiviert und erneut für 24h bei 37°C bebrütet, die Salmonellen-negativen Kulturen wurden verworfen. Die Reinkulturen wurden abermals mittels MALDI-TOF überprüft und artdiagnostisch bestätigt.

und im Anschluss an das Nationale Referenzzentrum für Salmonellen der AGES Graz zur Serotypisierung übersandt. Zusätzlich wurden alle Salmonellen-Isolate bei -80°C eingefroren. Für den Einfrierprozess wurden Kryoröhrchen (Nunc, Dänemark) verwendet. In diese wurden 600 µl Glycerin (Carl Roth, Deutschland) und 750 µl Thioglycolat-Bouillon (Becton Dickinson, USA) pipettiert und anschließend mit gammasterilen Impfschlingen aus Polystyrol (Sarstedt AG & Co, Nürmbrecht, Deutschland) Salmonellenkulturen dem Agar entnommen und dem Einfriermedium beigelegt. Die Röhrchen wurden beschriftet und anschließend sofort eingefroren.

3.6. Erstellen von Antibiotogrammen

Von allen Salmonellen-Isolaten wurde eine Empfindlichkeitsüberprüfung mittels Agardiskdiffusionstest durchgeführt. Hierbei wurde auf die Empfindlichkeit gegenüber den folgenden Antibiotika untersucht: Ciprofloxacin, Doxycyclin, Gentamycin, Cotrimoxazol, Cefepim, Ceftazidim, Amikacin, Imipenem, Meropenem, Piperacillin, Tazobactam, Dopramicin, Ampicillin, Cefazolin, Chloramphenicol, Enrofloxacin, Amoxicillin, Cefotaxim, Ciprofloxacin, Ceftazidim, Ceftazidim Clavulansäure, Cefoxitin, Cefotaxim Clavulansäure, Colistin, Tetrazyklin, Furadantin, Marbofloxacin, Fosfomycin, Ertapenem, Colistin (Becton Dickinson, USA).

Zur Durchführung wurden Müller Hinton II Agarplatten (Becton Dickinson, USA) mit dem zu untersuchenden Stamm beimpft. Hierfür wurden Einzelkulturen in physiologische Kochsalzlösung verbracht und auf eine Standardtrübung (McFarland 0,5) eingestellt, Ein steriler Stieltupfer (Raucotupf, Lohmann und Rauscher, Österreich) wurde anschließend in die Bouillon getaucht und so das Inokulum über die gesamte Platte verteilt. Anschließend wurden die Antibiotika-Plättchen mithilfe eines Stempels (Becton Dickinson, USA) auf den Agar aufgebracht. Nach 24-stündiger Inkubation bei 37°C wurden für die Auswertung die Durchmesser der gebildeten Hemmhöfe herangezogen.

4. Ergebnisse

4.1. Nachgewiesene *Salmonella*-Serovare

Das am häufigsten nachgewiesene Serovar stellte *S. Hvittingfoss* dar. Dieses konnte insgesamt 12-mal in verschiedenen Räumen nachgewiesen werden. *S. Durban* trat insgesamt sieben Mal in Proben aus verschiedenen Räumen auf. Drei Mal kamen die Serovare *S. Blijdorp* und *S. Chailey* vor, die ebenfalls in unterschiedlichen Räumen auftraten. Im Kleinterrarienraum sowie im Regenwaldhaus gelang jeweils der Nachweis eines geißellosen Stammes der C2 Gruppe.

Insgesamt wurde *S. enterica* ssp. *diarizonae* 17-mal nachgewiesen, die acht verschiedene Antigenformeln aufwiesen. *S. enterica* ssp. *salamae* wurde zwei Mal isoliert, einmal mit der Antigenformel 43 : d : e,n,x,z15 und einmal mit der Formel 58 : c : z6.

Im Großterrarienraum konnte aus zwei Proben *S. Paratyphi* B var. *Java* isoliert werden. Weiters erfolgte in diesem Raum der einzige Nachweis von *S. Malstatt*. Im Kleinterrarienraum konnte jeweils einmalig *S. Blukwa*, *S. Daarle* und *S. Rubislaw* nachgewiesen werden. *S. Bloemfontein* konnte insgesamt drei Mal nachgewiesen werden, wobei diese Nachweise alle im Wüstenbewohnerzuchtraum erfolgten. In diesem Raum konnte außerdem *S. Montevideo* einmalig nachgewiesen werden. Einmal konnten jeweils die Serovare *S. Manhattan* im Tejuraum, *S. Urbana* im Giftraum, *S. Marina* im Moreliaraum, *S. Hagenbeck* bei den beschlagnahmten Chamäleons und ein unbenanntes Serovar der Unterart *S. enterica* ssp. *houtenae* mit der Antigenformel 38 : z4,z23 : - im Regenwaldhaus nachgewiesen werden.

Tabelle 2: Nachgewiesene Serovare

Terrarium	Tierart	<i>Salmonella</i> Unterart	Serovar (Eigenname)	Serovar (Antigenformel)
Großterrarienraum				
GTR 1	<i>Corucia zebrata</i> (Salomonenskink)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Hvittingfoss	16 : b : e,n,x
GTR 2	<i>Corucia zebrata</i> (Salomonenskink)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		61 : l,v : 1,5,7
GTR 3	<i>Gastropholis prasina</i> (Grüne Baumschleiche)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		48 : r : e,n,x,z15

GTR 4	<i>Gastropholis prasina</i> (Grüne Baumschleiche)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		61 : r : z53
GTR 6	<i>Varanus macraei</i> (Blauer Baumwaran)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Durban	9,12 : a : e,n,z15
GTR 7	<i>Gastropholis prasina</i> (Grüne Baumschleiche)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		50 : z52 : z35
GTR 13	<i>Dracaena guianensis</i> (Krokodilteju)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Paratyphi B var. Java	1,4,5,12 : b : 1,2
GTR 14	<i>Ctenosaura melanosterna</i> (Schwarzbrustleguan)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Malstatt	16 : b : z6
GTR 15/16	<i>Iguana delicatissima</i> (Kleiner Antillen-Leguan)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		53 : z10 : z35
GTR 19/20	<i>Morelia carinata</i> (Rauschuppenpython)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Paratyphi B var. Java	1,4,5,12 : b : 1,2
GTR 21/22	<i>Cyclura cyclura figginsi</i> (Exuma Insel-Leguan)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		48 : z52 : z
GTR 23	<i>Corucia zebrata</i> (Salomonenskink)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Durban	9,12 : a : e,n,z15
GTR 24/25/26	<i>Cyclura cyclura figginsi</i> (Exuma Insel-Leguan)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Durban	9,12 : a : e,n,z15
Kleinterrarienraum				
KTR 2	<i>Python regius</i> (Königspython)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Blukwa	6,14,18 : z4z24
KTR 4	<i>Pholidoscelis chrysolaemus</i> (Haiti-Ameive)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Durban	9,12 : a : e,n,z15

KTR 5 V.a.	<i>Varanus acanthurus</i> (Stachelschwanzwaran)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Geißelloser Stamm der C2-Gruppe	6,8 : - : -
KTR 6	<i>Pogona barbata</i> (Östliche Bartagame)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>salamae</i>		58 : c : z6
KTR 8	<i>Chondrodactylus</i> <i>angulifer</i> (Namib-Sandgecko)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Daarle	6,8 : y : e,n,x
KTR 9	<i>Varanus primordius</i> (Zwergwaran)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Rubislaw	11 : r : e,n,x
KTR 11	<i>Varanus acanthurus</i> (Stachelschwanzwaran)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		48 : z52 : z
KTR 18	<i>Chondrodactylus</i> <i>angulifer</i> (Namib-Sandgecko)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Chailey	6,8 : z4,z23 : e,n,z15
KTR 19	<i>Varanus macraei</i> (Blauer Baumwaran)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Durban	9,12 : a : e,n,z15
KTR 20	<i>Varanus macraei</i> (Blauer Baumwaran)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Durban	9,12 : a : e,n,z15
KTR 23	<i>Ouroborus</i> <i>cataphractus</i> (Panzergrößelschweif)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Chailey	6,8 : z4,z23 : e,n,z15
Tejuraum				
TR 1	<i>Dracaena guianensis</i> (Krokodilteju)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Hvittingfoss	16 : b : e,n,x
TR 2	<i>Dracaena guianensis</i> (Krokodilteju)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Hvittingfoss	16 : b : e,n,x
TR 3	<i>Dracaena guianensis</i> (Krokodilteju)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Hvittingfoss	16 : b : e,n,x
TR 4	<i>Dracaena guianensis</i> (Krokodilteju)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Hvittingfoss	16 : b : e,n,x

TR 5	<i>Shinisaurus crocodilurus</i> (Chinesische Krokodilschwanzechse)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Hvittingfoss	16 : b : e,n,x
TR 6	<i>Shinisaurus crocodilurus</i> (Chinesische Krokodilschwanzechse)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Blijdorp	1,6,14,25 : c : 1,5
TR 7	<i>Shinisaurus crocodilurus</i> (Chinesische Krokodilschwanzechse)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Hvittingfoss	16 : b : e,n,x
TR 9	<i>Lygodactylus williamsi</i> (Himmelblauer Zwergtaggecko)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Manhattan	6,8 : d : 1,5
Giftraum				
GR 1	<i>Bitis rhinoceros</i> (Östliche Gabunviper)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Chailey	6,8 : z4,z23 : e,n,z15
GR 11	<i>Tropidolaemus subannulatus</i> (Philippinische Tempelviper)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Urbana	30 : b : e,n,x
Moreliaraum				
MR 2	<i>Python regius</i> (Königspython)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>houtenae</i>	Marina	48 : g,z51 : -
MR 5	<i>Morelia carinata</i> (Rauschuppenpython)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		5 3 : z10 : z35
MR 7	<i>Morelia carinata</i> (Rauschuppenpython)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Hvittingfoss	16 : b : e,n,x
Dorisraum				
DR 5	<i>Shinisaurus crocodilurus</i>	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Hvittingfoss	16 : b : e,n,x

	(Chinesische Krokodilschwanzechse)			
DR 7	<i>Shinisaurus crocodilurus</i> (Chinesische Krokodilschwanzechse)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		53 : z10 : z35
DR 8	<i>Shinisaurus crocodilurus</i> (Chinesische Krokodilschwanzechse)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Hvittingfoss	16 : b : e,n,x
A	<i>Trioceros jacksonii xantholophus</i> (Mount-Kenia-Dreihornchamäleon)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		47 : z52 : 1,5,7
B	<i>Trioceros jacksonii xantholophus</i> (Mount-Kenia-Dreihornchamäleon)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Blijdorp	1,6,14,25 : c : 1,5
C	<i>Trioceros jacksonii xantholophus</i> (Mount-Kenia-Dreihornchamäleon)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		47 : z52 : 1,5,7
D	<i>Trioceros jacksonii xantholophus</i> (Mount-Kenia-Dreihornchamäleon)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Blijdorp	1,6,14,25 : c : 1,5
Schildkrötenraum				
SR 11	<i>Cuora mouhotii</i> (Indische Dornschildkröte)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		53 : z10 : z35
SR 12b	<i>Cuora mouhotii</i> (Indische Dornschildkröte)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		53 : z10 : z35

Wüstenbewohnerzuchtraum				
DBR 18	<i>Platysaurus broadleyi</i> (Broadleys Facheidechse)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>salamae</i>	Bloemfontein	6,7 : b : z42
DBR 21	<i>Platysaurus broadleyi</i> (Broadleys Facheidechse) <i>Ouroborus</i> <i>cataphractus</i> (Panzergürtelschweif)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>salamae</i>	Bloemfontein	6,7 : b : z42
DBR 23	<i>Ouroborus</i> <i>cataphractus</i> (Panzergürtelschweif)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Bloemfontein	6,7 : b : z42
DBR 32	<i>Namazonurus lawrenci</i> (Lawrencis Gürtelschweif)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Montevideo	6,7 : g,m,s : -
Terrarium-Schau				
T. schau 7	<i>Varanus macraei</i> (Blauer Baumwaran)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Durban	9,12 : a : e,n,z15
Regenwaldhaus				
GT 3	<i>Brachylophus fasciatus</i> (Fidschi-Leguan)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		48 : z52 : z
GT 6	<i>Brachylophus fasciatus</i> (Fidschi-Leguan)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		48 : z52 : z
Am Gang	<i>Brachylophus fasciatus</i> (Fidschi-Leguan)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		48 : z52 : z
Lupenblick	<i>Brachylophus fasciatus</i> (Fidschi-Leguan)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		48 : z52 : z

E 11	<i>Malayopython reticulatus</i> (Netzpython)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>houtenae</i>		38 : z4,z23 : -
E 15	<i>Python reticulatus</i> (Netzpython)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Hvittingfoss Geißelloser Stamm der C2-Gruppe	16 : b : e,n,x 6,8 : - : -
E 16	<i>Python reticulatus</i> (Netzpython)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>enterica</i>	Hvittingfoss	16 : b : e,n,x
Chamäleon-Raum (beschlagnahmte Tiere)				
29/31	<i>Rieppeleon kerstenii</i> (Somali Zwergchamäleon)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>salamae</i>		43 : d : e,n,x,z15
33	<i>Rieppeleon kerstenii</i> (Somali Zwergchamäleon)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>salamae</i>	Hagenbeck	48 : d : z6
P2	<i>Rhampholeon acuminatus</i> (Nguru Pygmäen Chamäleon)	<i>S. enterica</i> ssp. <i>diarizonae</i>		47 : z52 : 1,5,7

4.2. Antibiotogramme

Die Auswertung der Antibiotogramme ergab bei den Salmonellen-Isolaten aus den Terrarien GTR 13 und GTR 19/20 (beide *S. Paratyphi* B var. Java; 1,4,5,12 : b : 1,2) jeweils Resistenzen gegenüber Doxycyclin und Tetrazyklin. Bei allen anderen Salmonellenisolaten konnten keine Resistenzen festgestellt werden.

5. Diskussion

Insgesamt konnten in 61 der 181 beprobten Terrarien (Prävalenz: 34%) Salmonellen in den Sammelkotproben nachgewiesen werden. Dies ist ähnlich der Prävalenz von 43% in einem Reptilienbestand eines norwegischen Zoos (Bjelland et al., 2020) und ist fast ident mit jener bei Reptilien in einem Zoo in Dänemark mit ermittelten 35% (Hydeskov et al., 2013).

S. Hvitittingfoss konnte im Rahmen der Beprobung 12-mal nachgewiesen werden. Es handelte sich bei den betroffenen Hälterungen um fünf Krokodilteju (*Dracaena guianensis*)-Terrarien, zwei Netzpython (*Python reticulatus*)-Terrarien, drei Chinesische Krokodilschwanzechsen (*Shinisaurus crocodilurus*)-Terrarien, ein Rauschuppenpython (*Morelia carinata*)-Terrarium und ein Salomonenskink (*Corucia zebrata*)-Terrarium. In zwei Studien konnte dieses Serovar bei Buntwaranen (*Varanus varius*), Burtons Spitzkopf-Flossenfüßen (*Lialis burtonis*) und Australischen Kupferköpfen (*Denisonia superba*) nachgewiesen werden. Beide Untersuchungen wurden in Australien durchgeführt und in beiden Arbeiten wurden sowohl in menschlicher Obhut gehaltene als auch wildlebende Tiere beprobt (Scheelings et al., 2011; Iveson et al., 1969). In der hier vorliegenden Arbeit konnte *S. Hvitittingfoss* im Tejuraum sieben Mal nachgewiesen werden und kam hier bei allen Tejus aber auch bei zwei Krokodilschwanzechsen vor. Denkbar wäre hier, dass die Tejus vor der Einzelhaltung zusammengehalten wurden und deshalb dasselbe Serovar aufweisen. Weiters besteht die Möglichkeit einer Übertragung durch den Menschen (z.B. durch mangelnde Händedesinfektion) oder über Futtertiere.

Über das Vorkommen von *S. Durban* bei Reptilien ist wenig bekannt. In einem Fallbericht wird über eine *S. Durban*-Infektion bei einem Kleinkind berichtet, das Kontakt zu einem Waran hatte (Makin et al., 1996). In der vorliegenden Arbeit konnte das Serovar ebenfalls bei Waranen nachgewiesen werden, genauer gesagt bei Blauen Baumwaranen (*Varanus macraei*). Alle vier Terrarien mit Tieren dieser Art wiesen *S. Durban* auf. Dies hängt vermutlich damit zusammen, dass diese Tiere ursprünglich gemeinsam gehalten wurden und nun in getrennten Terrarien untergebracht sind. Weiters konnte das Serovar auch bei Haiti Ameiven (*Pholidoscelis chrysolaemus*), Salomonenskinken (*Corucia zebrata*) und Exuma-Insel Leguanen (*Cyclura cyclura figginsi*) nachgewiesen werden. Der Nachweis gelang somit nur bei Echsen und weder Schlangen noch Schildkröten wiesen dieses Serovar auf. Ein vermehrtes Auftreten von *S. Durban* in einem der beprobten Räume war nicht feststellbar.

Salmonella Blijdorp konnte in einer Studie bei Jemenchamäleons (*Chamaeleo calypttratus*) unter anderem in einem mit Antibiotika vorbehandelten Tier nachgewiesen werden (Barazorda et al., 2015). Im Reptilienbestand des Tiergartens Schönbrunn kam im Laufe der Beprobung *S.*

Blijdorp drei Mal vor. Bei den betroffenen Tieren handelte es sich um eine Chinesische Krokodilschwanzzechse (*Shinisaurus crocodilurus*) und zwei Mount-Kenia-Dreihornchamäleons (*Trioceros jacksonii xantholophus*).

In einer zoologischen Einrichtung in Ägypten konnte S. Chailey aus Würfelnattern (*Natrix tessellata*) isoliert werden (Refai und Rohde, 2010). In der vorliegenden Arbeit war das Serovar bei Panzergürtelschweif (*Ouroborus cataphractus*), Namib-Sandgeckos (*Chondrodactylus angulifer*) und einer Östlichen Gebunviper (*Bitis rhinocerus*) nachzuweisen.

Salmonella enterica ssp. *diarizonae* wird neben *S. enterica* ssp. *arizonae* als die häufigste bei Reptilien nachgewiesene Unterart beschrieben (Wellehan und Divers, 2019). Im Gegensatz dazu war im Reptilienbestand des Tiergartens Schönbrunn *S. enterica* ssp. *enterica* die am häufigsten auftretende Unterart und die Subspezies *arizonae* konnte in keinen der beprobten Terrarien nachgewiesen werden. Der Nachweis von *S. diarizonae* gelang 17-mal bei unterschiedlichen Tierarten. Auffällig war der Nachweis eines Serovars mit der Antigenformel 48 : z52 : z bei allen Fidschi-Leguanen (*Brachylophus fasciatus*) im Regenwaldhaus. Das Serovar kam hier zwar bei der gleichen Tierart jedoch in unterschiedlichen Terrarien vor. Grund hierfür könnte ein ehemaliges Zusammenleben der Tiere sowie eine unzureichende Händedesinfektion zwischen dem Arbeiten in den Terrarien.

Salmonella Paratyphi B var. Java wurde zwei Mal im Großterrarienraum nachgewiesen, wobei einer der Nachweise bei einem Rauschuppenpython (*Morelia carinata*) und der zweite bei einem Krokodilteju (*Dracaena guianensis*) gelang. Beide Isolate wiesen Resistenzen gegenüber Doxzyklin und Tetrazyklin auf, was den Verdacht nahelegt, dass die Übertragung durch indirekten Kontakt der beiden Tiere stattgefunden hat. Es existieren mehrere Fallberichte über Reptilien-assoziierte *Salmonella* Paratyphi B var. Java-Infektionen bei Menschen (Hernandez et al., 2012; Harris et al., 2009; Krishnasamy et al., 2018). Auch *S. Rubislaw*-Infektionen sind bei Menschen nach Kontakt zu Reptilien beschrieben (Moffatt et al., 2010; Ward, 2000; Whiley et al., 2017). Hierbei traten Arthritis, zentralnervöse oder gastrointestinale Symptome bei den Betroffenen auf. Über den Gesundheitszustand der Tiere wurde in keiner der Studien eine Aussage getroffen. Ein einmaliger Nachweis bei einem Zwergwaran (*Varanus primordius*) gelang in der hier vorliegenden Arbeit.

Kuroki et al. wiesen bei einer Studie an Organen von Rotwangenschmuckschildkröten (*Trachemys scripta elegans*) *S. Montevideo* als häufigstes Serovar nach (Kuroki et al., 2018). In der hier vorliegenden Untersuchung wurde das Serovar nur einmalig bei einem Lawrencis Gürtelschweif (*Namazonurus lawrenci*) nachgewiesen.

Salmonella Urbana konnte in mehreren Studien nachgewiesen werden, wie beispielsweise in Kanada bei getrockneten Geckos, die auf einem Fleischmarkt verkauft wurden (Morrison und Rubin, 2020). Die Autoren sprechen in der Studie dieses Serovar als Reptilien-assoziiert an. Der einzige Nachweis im Reptilienbestand Schönbrunn gelang bei einer Philippinischen Tempelviper (*Tropidolaemus subannulatus*) im Giftraum.

Salmonella enterica ssp. *salamae* wurde fünf Mal nachgewiesen. Zwei Isolate wurden dem Serovar Bloemfontein und eine dem Serovar Hagenbeck zugeordnet. Für zwei Serovare (58 : c : z6; 43 : d : e,n,x,z15) sind keine Eigennamen bekannt. Insgesamt konnten 8% der Salmonellen-Isolate dieser Unterart zugeordnet werden. Dies ist gut vergleichbar mit einer Studie aus 2020 über das Vorkommen von Salmonellen in drei norwegischen Zoos, in der *S. enterica* ssp. *salamae* 11% der Salmonellen-Isolate ausmachte. Auch hier wurden ausschließlich gesunde Tiere beprobt (Bjelland et al., 2020).

S. enterica ssp. *houtenae* trat mit einer Prävalenz von 1% in dieser Untersuchung auf und wurde somit zwei Mal nachgewiesen, einmal mit dem Serovar Marina und einmal mit dem Serovar 38 : z4,z23 : -. Dies entspricht 3% der Salmonellen-Isolate. Abermals deckt sich dies gut mit der norwegischen Studie von Bjelland et al., in der die Unterart 2 % der positiven Isolate ausmachte (Bjelland et al., 2020).

Über das Vorkommen von *S. Malstatt*, *S. Blukwa* und *S. Daarle* bei Reptilien ist nichts bekannt. In der vorliegenden Arbeit konnten diese Serovare jeweils einmal nachgewiesen werden.

Alle beprobten Tiere befanden sich zum Zeitpunkt der Beprobung in einem guten Gesundheitszustand. Somit lässt sich die Aussage treffen, dass keines der nachgewiesenen Serovare als Krankheitserreger bei den einzelnen Arten angesprochen werden kann und Salmonellen, wie bereits bekannt, Teil der physiologischen Mikrobiota bei Reptilien sind. Eine Übertragung auf den Menschen ist, wie aus den angeführten Fallberichten hervorgeht, bei den meisten der nachgewiesenen Serovare möglich. Das Einhalten hygienischer Maßnahmen wie beispielsweise die Händedesinfektion minimiert das Risiko einer Reptilien-assoziierten Salmonelleninfektion beim Menschen. Weiters ist hygienisches Arbeiten bei der Reinigung der Terrarien wichtig, um die Übertragung von Tier zu Tier zu vermeiden.

6. Zusammenfassung

Ziel dieser Arbeit war es, einen Überblick über die Häufigkeit von Salmonellen und deren Serovare im Reptilienbestand des Tiergartens Schönbrunn zu schaffen. Weiters war es von Interesse die Salmonellen-Isolate auf etwaige Antibiotika-Resistenzen zu überprüfen.

Zu diesem Zweck wurden Kotproben von insgesamt 181 Terrarien entnommen und diese kulturell auf Salmonellen untersucht. Nach Artdiagnose mittels MALDI-ToF-Analyse und Serovar-Bestimmung wurden die gewonnen Salmonellen-Isolate auf ihre Empfindlichkeit gegenüber Antibiotika mittels Agardiskdiffusionstest überprüft.

Insgesamt konnten in 61 der beprobten Terrarien Salmonellen nachgewiesen werden. Damit liegt die Prävalenz im Tiergarten Schönbrunn bei 34%. Da die Tiere zum Zeitpunkt der Beprobung als klinisch unauffällig eingestuft wurden, sind die nachgewiesenen Salmonellen-Serovare der physiologischen intestinalen Mikrobiota zuzuordnen. Die nachgewiesenen Salmonellen-Isolate gehörten den Unterarten *S. enterica* ssp. *enterica*, *diarizonae*, *salamae* und *houtenae* an. Die meisten der gewonnen Salmonellen-Isolate konnten *S. enterica* ssp. *enterica* zugeordnet werden, wobei hier die Serovare *S. Hvittingfoss*, *S. Durban*, *S. Blijdorp* und *S. Chailey* am häufigsten auftraten.

Bei der Empfindlichkeitsüberprüfung konnten nur bei zwei der 61 Salmonellen-Isolaten (beide *S. Paratyphi* B var. *Java*) eine Resistenz gegenüber Antibiotika (Tetrazyklin und Doxyzyklin) ermittelt werden.

Salmonellen weisen im Allgemeinen ein zoonotisches Potential auf. Das größte Risiko besteht hierbei für Kinder, ältere und immunsupprimierte Personen. Eine wesentliche Minimierung des Risikos ist durch hygienisches Arbeiten (z.B. Desinfektion von Händen und Geräten) erreichbar. In zoologischen Einrichtungen birgt die hohe Tierdichte ein wesentlich höheres Risiko für die Übertragung verschiedener Mikroorganismen von Tier zu Tier oder von Tier auf Menschen. Aus diesem Grund muss hier besonderer Wert auf Einhaltung hoher hygienischer Standards und die Durchführung geeigneter Biosicherheitsmaßnahmen (z.B. Quarantäne von Neuzugängen) gelegt werden.

Zusammenfassend konnte in dieser Arbeit ein Überblick über die Häufigkeit von Salmonellen bei verschiedenen Reptilienarten im Tiergarten Schönbrunn sowie deren Resistenzprofil ermittelt werden.

7. Summary

This diploma thesis aimed at providing an overview on the prevalence of *Salmonella* and its serovars in the reptile population of the Schönbrunn Zoo, and to determine the antibiotic resistance profiles of *Salmonella* isolates obtained.

For this purpose, fecal samples were collected from a total of 181 terraria and subjected to cultural isolation of *Salmonella*. Presumptive *Salmonella* isolates were identified to the species level by MALDI-ToF analysis and serovars were determined by serotyping. Susceptibility testing of *Salmonella* isolates was performed using the agar disc diffusion test.

In total, 61 of the sampled terraria were positive for *Salmonella* indicating a prevalence of 34% in the reptile population at Schönbrunn Zoo. Since all animals were classified as clinically asymptomatic at the time of sampling, the *Salmonella* serovars detected were considered part of their autochthonous intestinal microbiota. The *Salmonella* isolates belonged to the subspecies *S. enterica* ssp. *enterica*, *diarizonae*, *salamae*, and *houtenae*. Most isolates were assigned to *S. enterica* ssp. *enterica* and the most common serovars were *S. Hvitittingfoss*, *S. Durban*, *S. Blijdorp*, and *S. Chailey*. Susceptibility testing revealed that only two of the 61 *Salmonella* isolates (both *S. Paratyphi* B var. *Java*) were resistant to antibiotics (tetracycline and doxycycline).

In general, all *Salmonella* possess zoonotic potential with the greatest risk identified for children, the elderly and immunocompromised persons. A significant minimization of the risk can be achieved by hygienic measures (e.g., disinfection of hands and equipment). In zoological institutions, the high density of animals poses a much higher risk for the transmission of various microorganisms from animal to animal or from animal to human. For this reason, special emphasis must be placed on adherence to high hygienic standards and the implementation of biosecurity measures (e.g., quarantine of new animals).

In summary, this study provides an overview on the prevalence of *Salmonella* in various reptile species kept in the Schönbrunn Zoo as well as their resistance profiles.

8. Literaturverzeichnis

Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit, 2021. Salmonellen. AGES. <https://www.ages.at/themen/krankheitserreger/salmonellen/#> ; Zugriff am 19.11.2021

Andrews W.H., Jacobson A., and Hammack T.S., 2011. *Salmonella*. Bact An Man. U.S. Food and Drug Administration; <http://www.fda.gov/Food/FoodScienceResearch/LaboratoryMethods/ucm070149.htm>; Zugriff am 01.11.2021

Bakowski M.A., Braun V., Brumell J.H., 2008. *Salmonella*-containing vacuoles: directing traffic and nesting to grow. Traffic 9:2022–2031.

Barazorda Romero S., Knotek Z., Cizek A., Masarikova M., Myšková P., 2015. The incidence and antibiotic resistance of *Salmonella* species isolated from cloacae of captive veiled chameleons. Acta Veterinaria Brno 84:209-213.

Baumler A.J., Tsois R.M., Ficht T.A., Adams L.G. 1998. Evolution of host adaptation in *Salmonella enterica*. Infect Immun 66:4579–4587.

Bell R.L., Jarvis K.G., Ottesen A.R., McFarland M.A., Brown E.W., 2016. Recent and emerging innovations in *Salmonella* detection: a food and environmental perspective. Microb Biotechnol 9(3):279-292.

Bell R.L., Zheng J., Burrows E., Allard S., Wang C.Y., Keys C.E., Melka D.C., Strain E., Luo Y., Allard M.W., Rideout S., Brown E.W., 2015. Ecological prevalence, genetic diversity, and epidemiological aspects of *Salmonella* isolated from tomato agricultural regions of the Virginia Eastern Shore. Front Microbiol 7:415.

Bemis D.A., Grupka L.M., Liamthong S., Folland D.W., Sykes J.M., Ramsay E.C., 2007. Clonal relatedness of *Salmonella* isolates associated with invasive infections in captive and wild-caught rattlesnakes. Vet Microbiol 120:300-307.

Beyaert I., 2018. Salmonellen. Uro-News 22: 20–21.

Bilecen, K., Yaman, G., Ciftci, U., Laleil, Y.R., 2015. Performances and reliability of Bruker Microflex LT and VITEK MS MALDI-TOF mass spectrometry systems for the identification of clinical microorganisms. Biomed Res Int 516410.

Bjelland A.M., Sandvik L.M., Skarstein M.M., Svendal L., Debenham J.J. 2020. Prevalence of *Salmonella* serovars isolated from reptiles in Norwegian zoos. Acta Vet Scand 62:1–9.

Böhme H., Fruth A., Rabsch W., 2009. Reptilien-assoziierte Salmonelleninfektionen bei Säuglingen und Kleinkindern in Deutschland. [Reptile-associated salmonellosis in infants in Germany]. Klin Padiatr 221:60–64.

Braden C.R., 2006 *Salmonella enterica* serotype Enteritidis and eggs: a national epidemic in the United States. Clin Infect Dis 43:512–517.

Celluci T., Seabrook J.A., Chagla Y., Bannister S.L., Salvadori M.I., 2010. A 10-year retrospective review of *Salmonella* infections at the Children’s Hospital in London, Ontario. Can J Infect Dis Med Microbiol 21:78–82.

Centers for Disease Control and Prevention (CDC), 2007. Preliminary FoodNet data on the incidence of infection with pathogens transmitted commonly through food—10 states. Morb Mortal Wkly Rep 56:336–339.

Center for Disease Control and Prevention (CDC), 2008. Multistate outbreak of human *Salmonella* Typhimurium infections associated with pet turtle exposure—United States 2008. Morb Mortal Wkly Rep 59:191–196.

Centers for Disease Control and Prevention (CDC), 2019. Antibiotic resistance threats in the United States. CDC website. <https://www.cdc.gov/drugresistance/pdf/threats-report/2019-ar-threats-report-508.pdf>. Zugriff am 09.10.2021, Zugriff am 10.10.2021.

Corrente M., Madio A., Friedrich K.G., Greco G., Desario C., Tagliabue S., D’Incau M., Campolo M., Buonacoglia C., 2004. Isolation of *Salmonella* strains from reptile faeces and comparison of different culture media. J Appl Microbiol 96:709–715.

Corrente M., Sangiorgio G., Grandolfo E., Bodnar L., Catella C., Trotta A., Martella V., Buonavoglia D., 2017. Risk for zoonotic *Salmonella* transmission from pet reptiles: A survey on knowledge, attitudes and practices of reptile-owners related to reptile husbandry. Prev Vet Med 146:73–78.

D’Aoust J., 2001. *Salmonellae* species. In: Doyle M.P., Beuchat L.R. und Montville T.J.: Food Microbiology - Fundamentals and Frontiers, 2. Auflage, ASM Press, Washigton D.C., pp.141-178.

Di Bella S., Capone A., Bordi E., Johnson E., Musso M., Topino S., Noto P., Petrosillo N., 2011. *Salmonella enterica* subsp. *arizonae* infection in a 43-year-old Italian man with hypoglobulinemia: a case report and review of the literature. J Med Case Reports 5:323.

Ebani V.V., Cerri D., Frattini F., Meille N., Valen-tini P., Andreani E., 2005. *Salmonella enterica* isolates from faeces of domestic reptiles and a study of their antimicrobial *in vitro* sensitivity. Res Vet Sci. 78:117–121.

Eng S.-K., Pusparajah P., Ab Mutalib N.-S., Ser H.-L., Chan K.-G. Lee L.-H.,2015. *Salmonella*: A review on pathogenesis, epidemiology and antibiotic resistance, Front Life Sci 8:3, 284-293.

Finlay F., Furnell C., Ridley P., 2015. *Salmonella* in pets the risk to children. Community Pract 88: 27–29.

Foster N., Kerr K., 2005. The snake in the grass—*Salmonella arizonae* gastroenteritis in a reptile handler. Acta Paediatr 94:1165–1166.

Geue L., Löschner U., 2002. *Salmonella enterica* in reptiles of German and Austrian origin. Vet Microbiol 84:79–91.

Gorvel J.P., Méresse S., 2001. Maturation steps of the *Salmonella*-containing vacuole. *Microbes Infect* 3:1299–1303.

Grimont, P.A.D., Weill, F.X., 2007. Antigenic Formulae of the *Salmonella* Serovars. 9th edition, Institut Pasteur. (WHO Collaborating Centre for Reference and Research on *Salmonella*).

Gunn J.S, Marshall J.M., Baker S., Dongol S., Charles R.C., Ryan E.T., 2014. *Salmonella* chronic carriage: epidemiology, diagnosis, and gallbladder persistence. *Trends Microbiol* 22 (11):648-655.

Hadjinicolaou A., Demetriou V., Emmanuel M., Kakoyiannis C., Kostrikis L., 2009. Molecular beacon-based real-time PCR detection of primary isolates of *Salmonella* Typhimurium and *Salmonella* Enteritidis in environmental and clinical samples. *BMC Microbiol* 9:97–111.

Hale C.R., Scallan E., Cronquist A.B., Dunn J., Smith K., Robinson T., Lathrop S., Tobin-D'Angelo M., Clogher P., 2012. Estimates of enteric illness attributable to contact with animals and their environments in the United States. *Clin Infect Dis* 54(Suppl 5):472–479.

Haeusler G.M., Curtis N., 2013. Non-typhoidal *Salmonella* in children: microbiology, epidemiology and treatment. *Adv Exp Med Biol* 764:13–26.

Harris J.R., Bergmire-Sweat D., Schlegel J.H., Winpisinger K.A., Klos R.F., Perry C., Tauxe R.V., Sotir M.J., 2009. Multistate outbreak of *Salmonella* infections associated with small turtle exposure, 2007–2008. *Pediatrics* 124:1388–94.

Hensel M., Shea J.E., Raupach B., Monack D., Falkow S., Gleeson C., Kubo T., Holden D.W., 1997. Functional analysis of *ssaJ* and the *ssaK/U* operon, 13 genes encoding components of the type III secretion apparatus of *Salmonella* Pathogenicity Island 2. *Mol Microbiol* 24:155–167.

Hernandez E., Rodriguez J.L., Herrera-Leon S., Garcia I., de Castro V., Muniozguren N., 2012. *Salmonella* Paratyphi B var Java infections associated with exposure to turtles in Bizkaia, Spain, September 2010 to October 2011. *Euro Surveill* 17:20201.

Heymans R., Vila A., van Heerwaarden C.A.M., Jansen C.C.C., Castelijns G.A.A., van der Voort M., Biesta-Peters E.G., 2018. Rapid detection and differentiation of *Salmonella* species, *Salmonella* Typhimurium and *Salmonella* Enteritidis by multiplex quantitative PCR. PLoS One 13(10):e0206316.

Hoelzer K., Moreno Switt A.I., Wiedmann M., 2011. Animal contact as a source of human nontyphoidal salmonellosis. Vet Res 42:34.

Hohmann E.L., 2001. Nontyphoidal salmonellosis. Clin Infect Dis 32:263–269.

Holschbach C.L., Peek S.F., 2018. *Salmonella* in dairy cattle. Vet Clin 34.1:133-154.

House D., Bishop A., Parry C., Dougan G., Wain J., 2001. Typhoid fever: pathogenesis and disease. Curr Opin Infect Dis 14:573–578.

Hurley D., McCusker M.P., Fanning S., Martins M., 2014. *Salmonella*–host interactions—modulation of the host innate immune system. Front Immunol 5:481.

Hydeskov H.B., Guardabassi L., Aalbaek B., Olsen K.E.P., Nielsen S.S., Bertelsen M.F., 2013. *Salmonella* prevalence among reptiles in a zoo education setting. Zoonoses Public Health 60(4):291-295.

International Organization for Standardization (ISO), 2005. Microbiology of food and animal feeding stuffs—Polymerase chain reaction (PCR) for the detection of food-borne pathogens—General requirements and definitions. ISO 22174:2005.

Isaza R., Garner M., Jacobson E., 2000. Proliferative osteoarthritis and osteoarthritis in 15 snakes. J Zoo Wildl Med 31:20-27.

Issenhuth-Jeanjean S., Roggentin P., Mikoleit M., Guibourdenche M., de Pinna E., Nair S., Nair S., Fields P.I., Weill F.-X., 2014. Supplement 2008-2010 (No. 48) to the White-Kauffmann-Le Minor scheme. Res Microbiol 165:526–530.

Iveson J. B., Mackay-Scollay E.M., Bamford V., 1969. *Salmonella* and Arizona in reptiles and man in Western Australia." Epidemiol Infect 67.1:135-145.

Kaiser P., Hardt W.-D., 2011. *Salmonella* Typhimurium diarrhea: switching the mucosal epithelium from homeostasis to defense. Curr Opin Immunol 23:456–463.

Kauffmann F., Edwards P. R., 1952. A simplification of the Kaufmann-White Schema. Am J Clin Pathol 7: 692-697.

Kaur J., Jain S., 2012. Role of antigens and virulence factors of *Salmonella enterica* serovar Typhi in its pathogenesis. Microbiol Res 167 (4):199-210.

Klontz K.C., Klontz J.C., Mody R.K., Hoekstra R.M., 2010. Analysis of tomato and jalapeño and Serrano pepper imports into the United States from Mexico before and during a national outbreak of *Salmonella* serotype Saintpaul infections in 2008. J Food Prot 73:1967–1974.

Kolker S., Itsekzon T., Yinnon A..M, Lachich T., 2012. Osteomyelitis due to *Salmonella enterica* subsp. arizonae: the price of exotic pets. Clin Microbiol Infect 18:167–170.

Krishnasamy V., Stevenson L., Koski L., Kellis M., Schroeder B., Sundararajan M., Ladd-Wilson S., Sampsel A., Mannell M., Classon A., Wagner D., Hise K., Carleton H., Trees E., Schlater L., Lantz K., Nichols M., 2018. Notes from the field: investigation of an outbreak of *Salmonella* Paratyphi B variant L (+) tartrate+(Java) associated with ball python exposure—United States. Morb Mortal Wkly Rep 67:562–3.

Kuroki T., Ishihara T., Nakajima N., Furukawa I., Une Y., 2018. Prevalence of *Salmonella enterica* subspecies *enterica* in red-eared sliders *Trachemys scripta elegans* retailed in pet shops in Japan. JJID 140.

Kurtz J.R., Goggins J.A., McLachlan J.B., 2017. *Salmonella* infection: Interplay between the bacteria and host immune system. Immunol Lett. 190:42-50.

Lafuente S., Bellido J.B., Moraga F.A., Herrera S., Yagüe A., Montalvo T., de Simó M., Simón P., Caylà J.A., 2013 .*Salmonella* Paratyphi B and *Salmonella* Litchfield outbreaks associated with pet turtle exposure in Spain. *Enferm Infecc Microbiol Clin* 31:32–35.

Lamberski N., Seurnyck K., Gregory C., Moore T.A., Pfaff C.S., Hines R., 2002. Recovery of a pathogenic *Salmonella* arizona from four snakes at the Riverbanks Zoo. *J Herp Med Surg* 12:17-22.

Le Minor L., Bockemühl J., 1985. Supplement No XXVIII (1984) to the Kauffmann-White Scheme. *Ann Inst Pasteur* 136 B: 57-61.

Le Minor L., Bockemühl J., 1987. 1987 supplement (no.31) to the schema of Kauffmann-White. *Ann. Inst. Pasteur* 139: 331-335.

Le Minor L. Bockemühl J., 1989. 1988 supplement (no.32) to the Kauffmann-White Scheme. *Res Microbiol* 140: 335-340.

Le Minor L., Popoff M., 1987. Request for an Opinion. Designation of *Salmonella enterica* sp. nov., nom. rev., as the type and only species of the genus *Salmonella*. *Int J Syst Bacteriol* 37: 465-468.

Le Minor L., Véron M., Popoff M., 1982. The taxonomy of *Salmonella*. *Ann. Microbiol* 133: 223-243.

Lee S.H., Jung B.Y., Rayamahji N., Lee H.S., Jeon W.J., Choi K.S., Kweon C.H., Yoo H.S., 2009. A multiplex real-time PCR for differential detection and quantification of *Salmonella* spp., *Salmonella enterica* serovar Typhimurium and Enteritidis in meats. *J Vet Sci* 10:43–51.

Makin G., Abu-Harb M., Finn A., Partridge S., 1996. *Salmonella* Durban in an infant. *Lancet* 348:200.

Moffatt C.R.M., Lafferty A.R., Khan S., Krsteski R., Valcanis M., Powling J., Veitch M., 2010. *Salmonella* rubislaw gastroenteritis linked to a pet lizard. *Med J Aust* 193(1):54-5.

Nataro J.P., Bopp C.A., Fields P.I., Kaper J.B., Strockbine N.A. 2011. *Escherichia*, *Shigella*, and *Salmonella*. In: Versalovic J., Carroll K.C., Funke G., Jorgensen J.H., Landry M.L., Warnock D.W. Man Clin Microb, 10th ed. ASM, Washington, DC, pp. 603–626.

Ng K.M., Ferreyra J.A., Higginbottom S.K., Lynch J.B., Kashyap P.C., Gopinath S., Naidu N., Choudhury B., Weimer B.C., Monack D.M., Sonnenburg J.L., 2013. Microbiota-liberated host sugars facilitate post-antibiotic expansion of enteric pathogens. *Nature* 3;502(7469):96-9.

Novák M., Kochlanova T., Tvrda A. Kotlebova N., 2019. Public Health impact of rapid identification of epidemiologically important characteristics of *Salmonella* spp. by MALDI-TOF MS. *CBU Int Conf Proc* 7:783-789.

Paião F.G., Arisitides L.G., Murate L.S., Vilas-Bôas G.T., Vilas-Boas L.A., Shimokomaki M., 2013 Detection of *Salmonella* spp, *Salmonella* Enteritidis and Typhimurium in naturally infected broiler chickens by a multiplex PCR-based assay. *Braz J Microbiol* 19;44(1):37-41.

Pasmans F., Blahak S., Martel A., Pantchev N. 2008. Introducing reptiles into a captive collection: the role of the veterinarian. *Vet J* 175:53–68.

Pees M., Rabsch W., Plenz B., Fruth A., Prager R., Simon S., Schmidt V., Münch S., Braun P.G., 2013. Evidence for the transmission of *Salmonella* from reptiles to children in Germany, July 2010 to October 2011. *Euro Surveill* 18:46.

Rabsch W., Pees M., Plenz B., Fruth A., Prager R., Simon S., Schmidt V., Münch S., Braun P.G., 2013. Evidence for “Reptile-Exotic-Pet-Associated-Salmonellosis”(RE-PAS) in Germany. Abstract. International Symposium on *Salmonella* and Salmonellosis. St. Malo, France 27–29. p. 170.

Rajtak U., Leonard N., Bolton D., Fanning S., 2011., 2011. A real-time multiplex SYBR Green I polymerase chain reaction assay for rapid screening of salmonella serotypes prevalent in the European Union. *Foodborne Pathog Dis* 8(7):769-80.

Reeves M., Evins G., Heiba A., Plikaytis B., Farmer J., 1989. Clonal nature of *Salmonella typhi* and its genetic relatedness to other salmonellae as shown by multilocus enzyme electrophoresis, and proposal of *Salmonella bongori* comb. nov. J Clin Microbiol 27:313-320.

Refai M., Rohde R., 2010. *Salmonella* in Reptiles in Zoological Gardens. Zentralblatt Für Veterinärmedizin Reihe B, 16(4):383–386.

Saeki E.K., Alves J., Bonfante R.C., Hirooka E.Y., Moreira de Oliveira T.C.R., 2013. Multiplex PCR (mPCR) for the detection of *Salmonella* spp. and the differentiation of the Typhimurium and Enteritidis serovars in chicken meat. J Food Saf 33:25–29.

Saphra I., Winter J.W. 1975. Clinical manifestations of salmonellosis in man; an evaluation of 7779 human infections identified at the New York *Salmonella* Center. N Engl J Med 256:1128–1134.

Scheelings T.F., Lightfoot D., Holz P., 2011. Prevalence of *Salmonella* in Australian reptiles. J Wildl Dis 47:1–11.

Silva C., Maloy S., Calva E., 2014. One health and food-borne disease: *Salmonella* transmission between humans, animals, and plants. Microbiol Spectr 2(1):137–148.

Steele-Mortimer O., 2008. The *Salmonella*-containing vacuole: moving with the times. Curr Opin Microbiol 11:38–45.

Tabarani C.M., Bennett N.J., Kiska D.L., Riddell S.W., Botash A.S., Domachowske J.B., 2010. Empyema of preexisting subdural hemorrhage caused by a rare *Salmonella* species after exposure to bearded dragons in a foster home. J Pediatr 156(2):322-3.

USDA FSIS, 2014. Isolation and identification of *Salmonella* from meat, poultry, pasteurized egg, and catfish products and carcass and environmental sponges. In: MLG 4.08 United States Department of Agriculture, Food Safety and Inspection Service.

Van Immerseel F., Pasmans F., De Buck J., Rychlik I., Hradecka H., Collard J.M., Wildemaue C., Heyndrickx M., Ducatelle R., Haesebrouck F., 2004. Cats as a risk for transmission of antimicrobial drug-resistant *Salmonella*. *Emerg Infect Dis* 10(12):2169-74.

Ward L., 2000. Fatal neonatal *Salmonella* rubislaw infection in household with pet reptile in England. *Euro Surveill* 4(6).

Wellehan J.F.X., Divers S.J., 2019. Bacteriology. In Divers S.J., Stahl S.J., 2019. Mader's Reptile medicine and surgery 3rd ed., Saunders Elsevier, St. Louis, Missouri, pp. 241, 242.

Whiley H., Gardner M.G., Ross K., 2017. A review of *Salmonella* and squamates (lizards, snakes and amphibians): implications for public health. *Pathogens* 6(3):38.

Wray C., Wray A., 2000. *Salmonella* in domestic animals. CABI Publishing, Wallingford, UK, pp. 355-392.

World Health Organization (WHO). *Salmonella* (non-typhoidal), 2018. World Health Organization. [https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/salmonella-\(non-typhoidal\)](https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/salmonella-(non-typhoidal)) Zugriff am 10.10.2021.