

Salmonella Infantis-Ausbruch bei Säuglingen und Kleinkindern verursacht durch kontaminiertes Cashewmus Himbeere

Eine erfolgreiche Ausbruchsaufklärung durch das Zusammenspiel von klassischer Infektionsepidemiologie und Integrierter Genomischer Surveillance

Salmonellen stellen in Europa nach wie vor einen der häufigsten bakteriellen Krankheitserreger für Magen-Darm-Erkrankungen beim Menschen dar. Übertragen werden die Bakterien dabei hauptsächlich über verunreinigte Lebensmittel.¹ Bei kleinen Kindern, älteren und immunsupprimierten Menschen besteht die Gefahr eines schweren Krankheitsverlaufs.^{2,3}

Das Robert Koch-Institut (RKI) konnte einen Krankheitsausbruch unter Säuglingen und Kleinkindern aufdecken, der durch *Salmonella (S.) enterica* Sero-*var* Infantis verursacht wurde. Mit Datenstand vom 16.6.2025 zählte das RKI in Deutschland insgesamt 85 Erkrankungsfälle zum Ausbruch, hauptsächlich Kinder (84 Erkrankungsfälle bei Kindern zwischen 0 und 4 Jahren und ein Erkrankungsfall bei einer 30-jährigen Frau). Mädchen und Jungen waren in etwa gleich betroffen (40 Jungen und 44 Mädchen). Die meisten Kinder waren erst ein Jahr alt oder jünger (68/84; 81%). Die Erkrankungsfälle traten bundesweit auf (s. Abb. 1), wobei die meisten Erkrankungen im April und Mai 2025 begannen (s. Abb. 2). Ein Großteil der Kinder erkrankte so schwer, dass sie aufgrund der Salmonellose im Krankenhaus behandelt werden mussten (35/61 Erkrankungsfällen mit vollständigen Angaben zum Krankenhausaufenthalt; 57%). Bei vier Kindern wurde als Komplikation eine Sepsis diagnostiziert und an das RKI übermittelt; bei neun weiteren Kindern wurden die Salmonellen im Blut nachgewiesen, was ebenfalls auf eine Sepsis hindeuten kann. Todesfälle in Zusammenhang mit diesem Ausbruch sind dem RKI mit Stand 16.6.2025 nicht bekannt geworden.

Entdeckt wurde der Ausbruch durch vermehrte *Salmonella*-Einsendungen von Säuglingen und Kleinkindern, die am Nationalen Referenzzentrum

(NRZ) für Salmonellen und andere bakterielle Enteritiserreger am RKI als *S. Infantis* typisiert wurden. Über die Integrierte Genomische Surveillance (IGS) wurde eine hohe genetische Ähnlichkeit der Bakterienisolate festgestellt. Bei der IGS wird eine Ganzgenomsequenzierung durchgeführt und das sogenannte Kerngenom der Bakterienisolate miteinander verglichen. Je höher die Übereinstimmung, umso größer ist die Wahrscheinlichkeit, dass

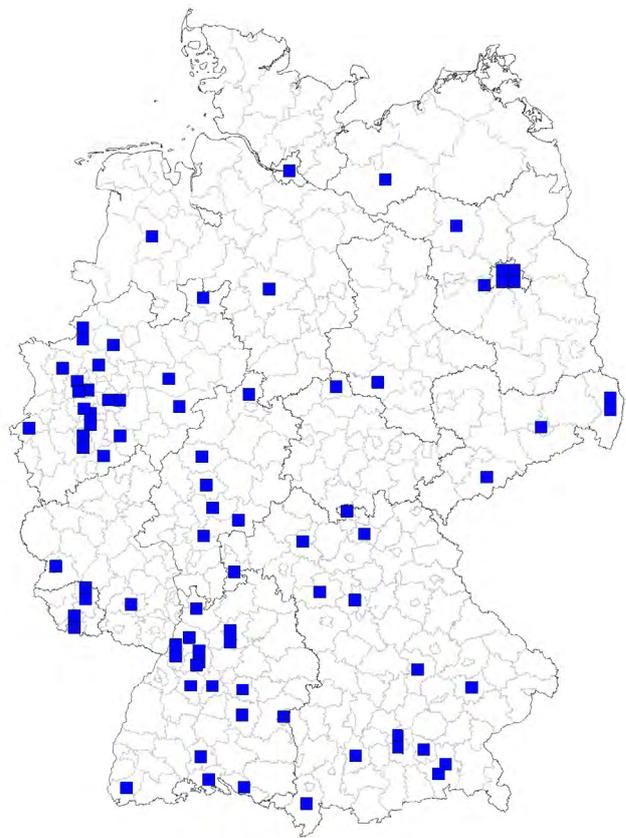


Abb. 1 | Anzahl der Ausbruchsfälle (blaue Kästchen) pro Land- bzw. Stadtkreis in Deutschland; Datenstand 16.6.2025.

Anzahl Fälle

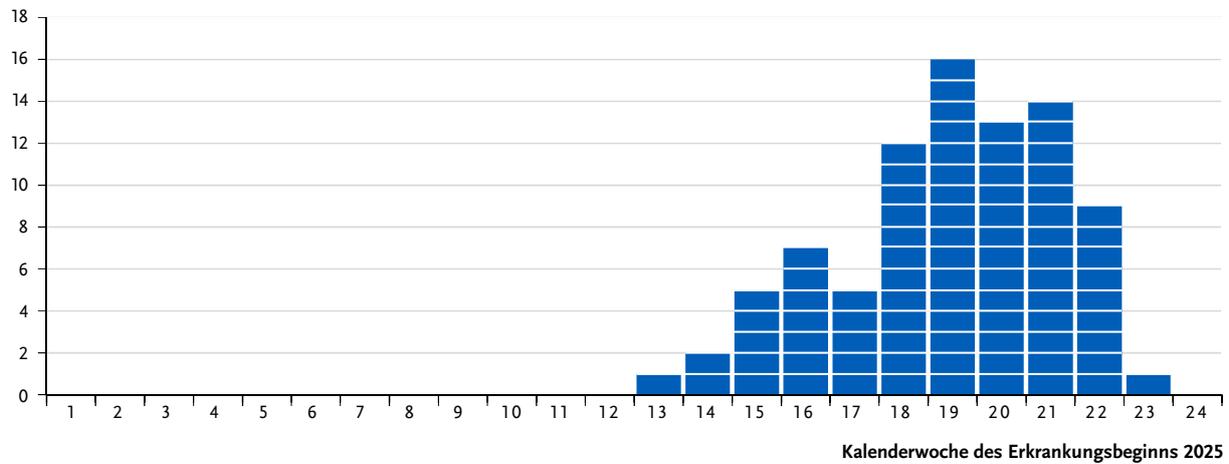


Abb. 2 | Anzahl der Ausbruchsfälle nach Woche des Erkrankungsbeginns in Deutschland; Datenstand 16.6.2025.

die Bakterienisolate zu einem Ausbruch gehören und sich die zugeordneten Erkrankungsfälle auf eine gemeinsame Ansteckungsquelle zurückführen lassen. Dargestellt werden die Ergebnisse der Genomanalyse z. B. in einem Minimum Spanning Tree (MST) (s. Abb. 3). Die Sequenzdaten eines Isolates des Ausbruchsclusters wurden vom RKI auf internationalen Kommunikationsplattformen bereitgestellt, um zu ermitteln, ob auch in anderen Ländern entsprechende Erkrankungsfälle aufgetreten sind. So wurde bekannt, dass in weiteren europäischen Ländern Erkrankungsfälle, hauptsächlich bei Kleinkindern bis vier Jahre, aufgetreten waren, die mit dem Geschehen in Deutschland in Zusammenhang stehen (Österreich: 13, Luxemburg: 2 und Tschechien: 1). Die Sequenzdaten der Erregerisolate aus Österreich und Luxemburg wiesen eine große Ähnlichkeit zu denen aus Deutschland auf. Das Isolat aus Tschechien wird zurzeit sequenziert.

In Zusammenarbeit mit dem Öffentlichen Gesundheitsdienst (ÖGD) konnten Epidemiologinnen des RKI Eltern von 28 erkrankten Kindern (Datenstand: 16.6.2025) dazu befragen, welche Lebensmittel die Kinder in den Tagen vor dem Erkrankungsbeginn verzehrt hatten. Abgefragt wurden auch weitere mögliche Ansteckungsursachen, wie zum Beispiel der Kontakt zu Tieren oder erkrankten Menschen. Relativ schnell fiel auf, dass in allen Haushalten ein bestimmtes Cashewmus (Cashewmus Himbeere) einer Drogeriehandelskette verwendet wurde. Nahe-

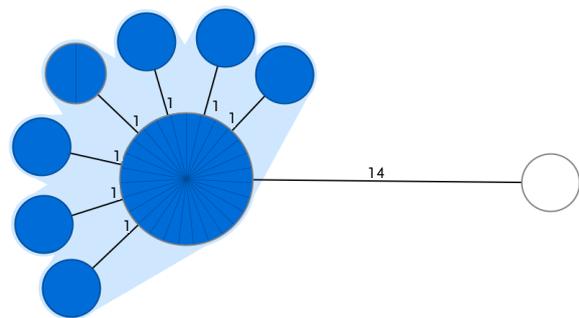


Abb. 3 | Minimum Spanning Tree

in blau: Isolatsequenzen mit Zugehörigkeit zum Ausbruchscluster NGS_SAL_Infantis_003 in Deutschland, in weiß: nächst verwandte Isolatsequenz, die nicht zum Ausbruchscluster zählt; die Zahlen stehen für die Alleldifferenzen; Datenstand 16.6.2025.

zu alle Befragten (27/28) waren sich sicher, dass ihr Kind genau dieses Produkt vor dem Erkrankungsbeginn verzehrt hatte, meist in den Brei oder unter das Müsli gemischt. Andere Produkte waren in den Befragungen nicht auffällig. Ähnliche Produkte der gleichen Drogeriehandelskette wurden zwar auch genannt, z. B. Cashewmus ohne Himbeeren oder Mandelmus, aber von deutlich weniger Befragten. Ein Teil der Befragten konnte über digitale Einkaufsbelege genau nachvollziehen, wann und wo sie das Cashewmus Himbeere gekauft hatten. Da das Produkt eine lange Mindesthaltbarkeit hat, waren in einigen Haushalten zum Zeitpunkt der Befragung noch angebrochene Gläser vom Cashewmus Himbeere vorhanden. Diese konnten dann

durch die Gesundheitsämter bzw. die Lebensmittelüberwachung sichergestellt und bei den zuständigen Veterinärbehörden untersucht werden, wobei mehrere Proben positiv auf *S. Infantis* getestet wurden. Auch in mehreren ungeöffneten Gläsern, die nach amtlichen Probennahmen untersucht wurden, konnte *S. Infantis* nachgewiesen werden. Eine Genomsequenzierung der Salmonellenisolate aus den Lebensmitteln zeigte, dass die Salmonellen eine hohe genetische Ähnlichkeit zu den Isolaten von den Erkrankungsfällen aufwiesen. Das verdächtige Cashewmus Himbeere wurde ab dem 26.5.2025 öffentlich zurückgerufen und Verbraucherinnen und Verbraucher wurden vor einem Verzehr des Produktes gewarnt (www.lebensmittelwarnung.de). Die Lebensmittelüberwachungsbehörden ermitteln derzeit, an welcher Stelle der Produktion der Eintrag der Salmonellen stattgefunden haben kann. Das Produkt wurde nicht nur in Deutschland, sondern auch in anderen europäischen Ländern, inklusive Österreich, vertrieben. Auch dort gab es einen öffentlichen Produktrückruf und noch nicht ausgelieferte Chargen des Produkts wurden gesperrt.

Bei diesem Ausbruch waren bisher vor allem Kinder betroffen, es können aber auch Erwachsene erkranken, wenn sie dieses Produkt verzehrt haben. Es ist davon auszugehen, dass mehr Erkrankungsfälle aufgetreten sind als die, die dem RKI übermittelt wurden (Untererfassung), denn es werden nicht alle Salmonellen mittels IGS untersucht oder einer Serovar-Bestimmung unterzogen. Außerdem haben sich leichter erkrankte Personen möglicherweise nicht in ärztliche Behandlung begeben, oder es wurden von den Erkrankten keine Stuhlproben untersucht. Da das Produkt eine lange Haltbarkeit von mehreren Monaten aufweist, ist es möglich, dass auch nach dem Rückruf noch vereinzelt Erkrankungsfälle auftreten, wenn sich das Produkt noch in Haushalten befindet und weiter verzehrt wird. Das RKI wird dies weiter beobachten. Die klassische Surveillance von Infektionskrankheiten kombiniert mit einer vertieften Erregeranalyse ermöglicht dabei eine spezifische Überwachung des Geschehens und somit eine schnelle Reaktionsfähigkeit, falls weitere Erkrankungsfälle auftreten.

Auch das für diesen Ausbruch ursächliche Lebensmittel, das sogenannte Infektionsvehikel, konnte

dank des Zusammenspiels von klassischer Infektionsepidemiologie und der IGS schnell ermittelt werden. Über den Vergleich von Bakterienisolaten von Erkrankten und dem Lebensmittel, das aufgrund der Befragungen in Verdacht geraten war, konnte ein wahrscheinlicher Zusammenhang der Erkrankungen mit dem Lebensmittel hergestellt werden. Gezielte Maßnahmen, wie der Produktrückruf, öffentliche Warnungen und die Sperrung von noch nicht ausgelieferten Chargen, haben sehr wahrscheinlich weitere Erkrankungsfälle bei Kindern und Erwachsenen verhindert, die bei einem solchen Produkt mit monatelanger Haltbarkeit ansonsten aufgetreten wären.

Für eine zeitnahe Ausbruchsdetektion ist die Gewinnung von Bakterienisolaten sowie deren Weiterleitung zur Feintypisierung/Genomsequenzierung (z. B. an das NRZ) von außerordentlicher Bedeutung. Entscheidend für die zügige Implementierung von geeigneten Maßnahmen ist zudem die enge und konstruktive Zusammenarbeit zwischen den Behörden für den Infektionsschutz und den Behörden für die Lebensmittelüberwachung und den Verbraucherschutz. Das RKI möchte sich auf diesem Weg bei allen Stammeinsendern, den mitwirkenden Behörden und besonders auch bei allen Eltern von erkrankten Kindern bedanken, die sich für eine Befragung zur Verfügung gestellt haben. Ohne die Mithilfe der engagierten Eltern hätte das Ausbruchsgeschehen nicht so schnell aufgeklärt werden können.

Literatur

- 1 The European Union One Health 2023 Zoonoses report
- 2 Brinkwirth S., Dörre A., Stark K. et al. The changing landscape of nontyphoidal salmonellosis: epidemiological patterns, imported cases and serovar distribution in Germany from 2012 to 2023. *BMC Infect Dis.* 2025 Apr 10;25(1):497. DOI: 10.1186/s12879-025-10907-5.
- 3 Acheson D., Hohmann, E. L. Nontyphoidal Salmonellosis. *Clinical Infectious Diseases*, Volume 32, Issue 2, 15 January 2001, pages 263–269. DsOI: 10.1086/318457.

Autorinnen und Autoren

Robert Koch-Institut

Korrespondenz: FG35@rki.de;
NRZ-SALM-FG11@rki.de

Vorgeschlagene Zitierweise

Robert Koch-Institut: Salmonella Infantis-Ausbruch bei Säuglingen und Kleinkindern verursacht durch kontaminiertes Cashewmus Himbeere

Epid Bull 2025;25:12-15 | 10.25646/13200

Open access



[Creative Commons Namensnennung 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)