

Jährlich wiederkehrende Ausbrüche durch *Salmonella* Strathcona in Deutschland – hohe Fallzahlen in der Saison 2025/2026

Einleitung

Salmonellen zählen weltweit zu den häufigsten Erregern von lebensmittelbedingten Erkrankungen. Sie verursachen Magen-Darm-Beschwerden wie Durchfall, Bauchschmerzen, Übelkeit, Erbrechen und Fieber, können aber auch schwerwiegende invasive Krankheitsverläufe auslösen. Eine Infektion erfolgt überwiegend durch den Verzehr von mit Salmonellen verunreinigten tierischen oder pflanzlichen Lebensmitteln. *Salmonella* (S.) Strathcona ist ein vormals sehr seltenes Serovar, das seit einigen Jahren saisonal vermehrt in Deutschland und anderen europäischen Ländern nachgewiesen wird.

Im Jahr 2011 wurde *S. Strathcona* erstmals im Rahmen eines multinationalen Ausbruchs in Europa identifiziert.¹ Seitdem werden europaweit – insbesondere ab dem Spätsommer – wiederholt Ausbrüche mit *S. Strathcona* beobachtet, deren Umfang im Laufe der Jahre zugenommen hat (s. Abb. 1). Zwischen 2011 und 2024 wurden in 17 europäischen Ländern, die ihre Daten zur Verfügung stellten, über 600 Ausbruchsfälle identifiziert.²

Umfassende Untersuchungen verschiedener S.-Strathcona-Ausbrüche in verschiedenen Ländern lieferten über Jahre hinweg wiederholt Hinweise

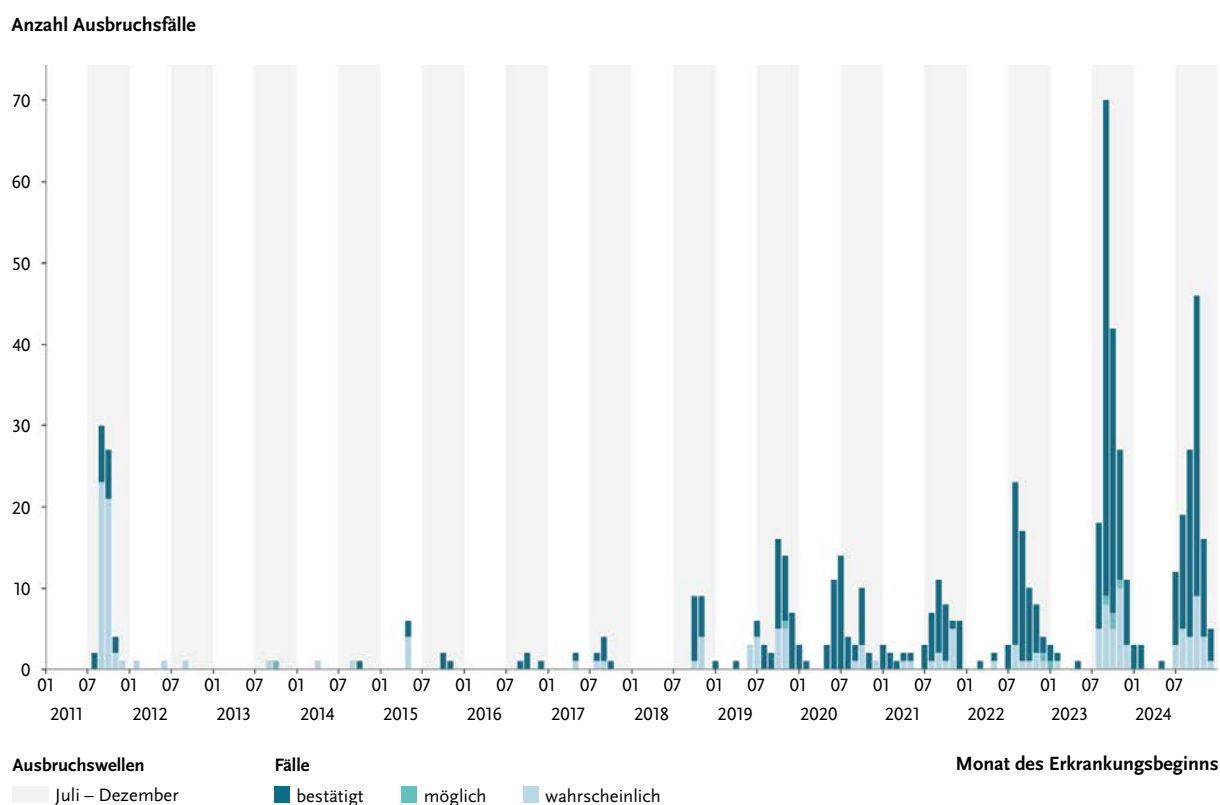


Abb. 1 | Zeitliche Verteilung der *Salmonella*-Strathcona-Ausbruchsfälle in mehreren europäischen Ländern nach Monat des Erkrankungsbeginns, 2011–2024 (n=643); Datenstand 31.12.2024; Abbildung entnommen aus: Brait *et al.* Eurosurveillance 2025²

auf Tomaten aus Italien als Ansteckungsquelle.³ Bereits bei einer Ausbruchsuntersuchung im Jahr 2011 in Dänemark wurden Datteltomaten aus Sizilien sowohl durch eine epidemiologische Studie als auch durch Rückverfolgungen entlang der Lieferkette als wahrscheinliche Quelle identifiziert.¹ Durch die intensivierte länderübergreifende Zusammenarbeit (auf Ebene der Europäischen Union [EU]) bei den Ausbruchsuntersuchungen hat sich die Evidenz für einen Zusammenhang mit Tomaten aus Italien als Infektionsvehikel seit 2023 weiter verdichtet. Die Ergebnisse dieser internationalen Kooperation wurden im August 2025 veröffentlicht.² Im Rahmen von Ausbruchsuntersuchungen in Österreich Ende 2025 wurde die Evidenz durch den erstmaligen Nachweis des Ausbruchsstamms in italienischen Bio-Cherrytomaten nochmals gestärkt.⁴

In der Saison 2025/2026 wurde erneut ein Ausbruch von *S. Strathcona* in Deutschland erfasst. Auch in anderen europäischen Ländern traten wieder Erkrankungsfälle auf. Das Robert Koch-Institut (RKI) untersuchte den Ausbruch in Deutschland in Zusammenarbeit mit den Behörden des Infektions- und Verbraucherschutzes. Ziel der Ausbruchsuntersuchung war es, mögliche Ansteckungsquellen zu identifizieren und auf dieser Grundlage Maßnahmen zur Verhinderung weiterer Erkrankungen abzuleiten.

Internationale und in Deutschland überregionale Salmonellose-Ausbruchsgeschehen werden durch die Integrierte Genomische Surveillance (IGS) erkannt. Durch den Vergleich von Sequenzdaten der Salmonellen aus Patientenproben können Zusammenhänge zwischen Erkrankungsfällen aufgedeckt werden, selbst wenn diese in unterschiedlichen Regionen oder mit einem großen zeitlichen Abstand auftreten. Bei geringer genetischer Distanz zwischen den Isolaten ist die Wahrscheinlichkeit hoch, dass die zugehörigen Erkrankungsfälle auf eine gemeinsame Ansteckungsquelle zurückzuführen sind. Der Vergleich mit Sequenzdaten von Salmonellen-Isolaten aus Lebensmitteln oder der Umwelt kann dabei helfen, mögliche Ansteckungsquellen zu identifizieren.

Ausbruchsbeschreibung

Der *S. Strathcona*-Ausbruch in der Saison 2025/2026 umfasste in Deutschland insgesamt 116 Ausbruchsfälle, davon 100 bestätigte und 16 wahrscheinliche Fälle. Als in diesem Ausbruch bestätigt wurden Fälle in Deutschland eingestuft, die zwischen Juni 2025 und März 2026 erkrankten und bei denen durch Ganzgenomanalysen der Erregersequenzdaten der gleiche Ausbruchsstamm wie in den Vorjahren nachgewiesen werden konnte. Als wahrscheinliche Ausbruchsfälle wurden Fälle definiert, die über das Deutsche Elektronische Melde- und Informationssystem für den Infektionsschutz (DEMIS) als Salmonellose-Meldefälle mit der Angabe *S. Strathcona* an das RKI übermittelt wurden, für die jedoch kein Salmonellen-Isolat aus einer Patientenprobe am RKI zur Untersuchung vorlag.

Die Erkrankungen traten insbesondere zwischen August und Dezember 2025 auf. Nach dem ersten Erkrankungsbeginn am 29. Juni 2025 zeigt die Epidemiekurve mit allen Fällen in Deutschland einen über mehrere Monate anhaltenden Ausbruch mit der höchsten Fallzahl in der Kalenderwoche 43 (20.–26.10.2025). Bis zum Jahresende 2025 traten weiterhin regelmäßig einzelne Fälle auf; zu Beginn des Jahres 2026 dann nur noch vereinzelt (s. Abb. 2).

Für 80 Fälle der insgesamt 116 Ausbruchsfälle (69 %) lagen eindeutige Angaben zum Expositionsland (Land, in dem die Infektion wahrscheinlich stattgefunden hat) vor. Bei etwas mehr als der Hälfte (48/80; 60 %) war Deutschland als Expositionsland angegeben. Bei 32 Fällen (32/80; 40 %) lag das Expositionsland im Ausland, davon bei mehr als 80 % in Italien (27/32; 84 %) (s. Abb. 2).

Innerhalb Deutschlands verteilen sich die Ausbruchsfälle auf 13 Bundesländer (in 3 Fällen war das Bundesland unbekannt), wobei die meisten Fälle in den südlichen Bundesländern auftraten (s. Abb. 3).

Das Alter der Erkrankten lag zwischen 0 und 87 Jahren, wobei die Hälfte der Erkrankten zwischen 24 und 64 Jahren alt war. Im Median lag das Alter bei 39 Jahren.

Anzahl der Fälle in Deutschland

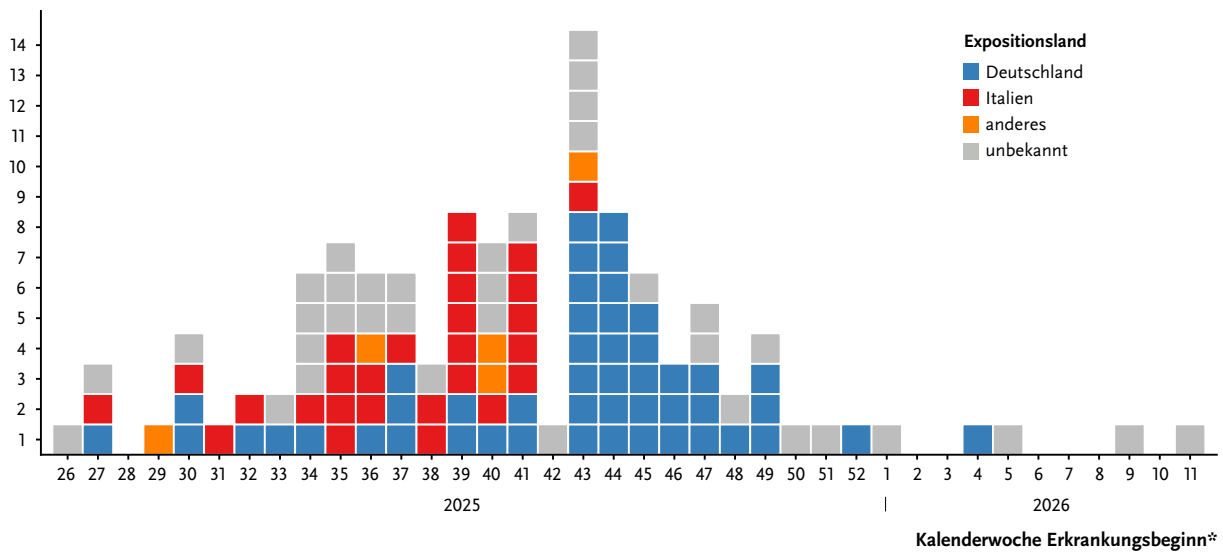


Abb. 2 | Epidemiekurve S.-Strathcona-Ausbruch 2025/2026 (n=116), Ausbruchsfälle in Deutschland eingefärbt nach Expositionsland (Land, in dem die Infektion wahrscheinlich stattgefunden hat). Die Kategorie „anderes“ enthält zwei Fälle mit Exposition in Malta sowie je einen Fall mit Exposition in Bosnien und Herzegowina, Griechenland und Tansania.

* Falls der Erkrankungsbeginn nicht bekannt war, wurde die Woche vor der Meldung bzw. die Woche vor Registrierung des Isolates am NRZ als Schätzwert angenommen.

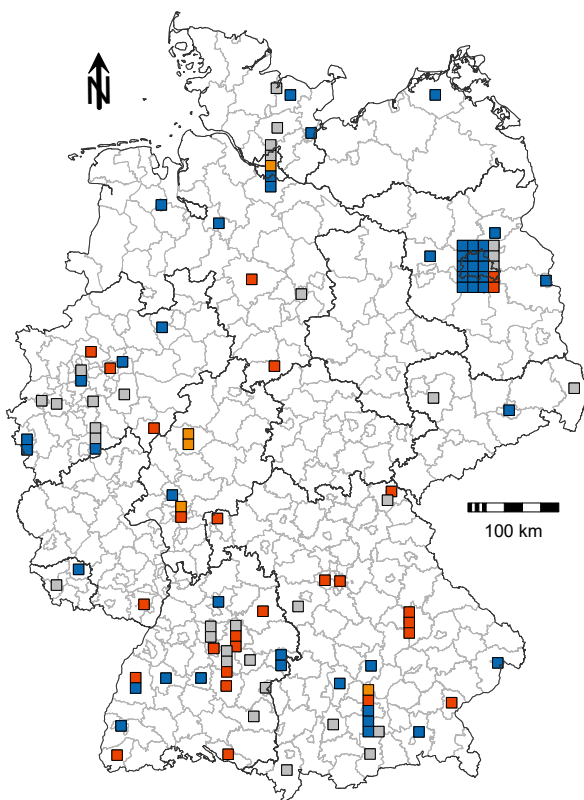


Abb. 3 | Räumliche Verteilung der S.-Strathcona-Ausbruchsfälle in Deutschland in der Saison 2025/2026 nach übermitteltem Stadt- bzw. Landkreis (n=112). Die Einfärbung der dargestellten Fälle kennzeichnet das Expositionsland (blau: Deutschland, rot: Italien, orange: anderes, grau: unbekannt)

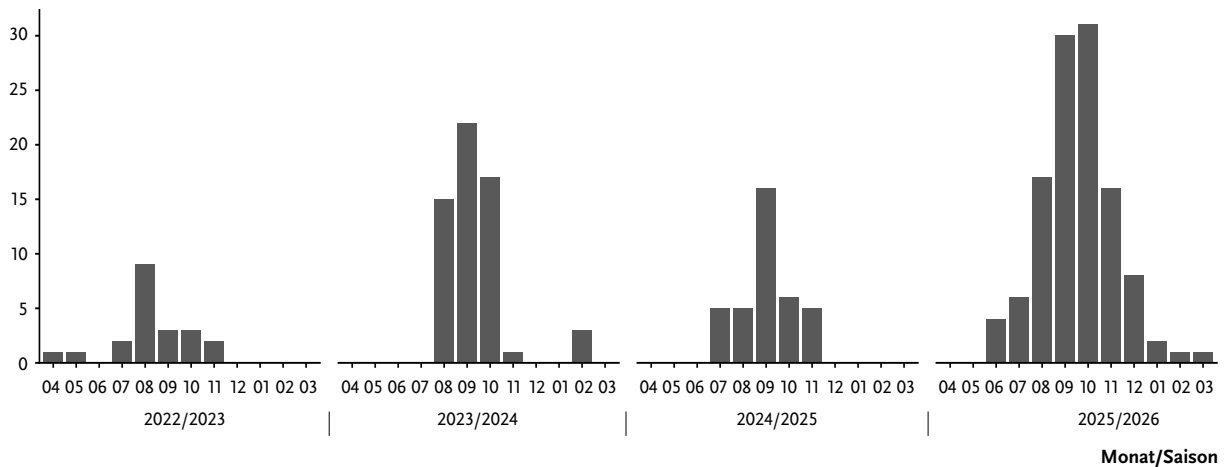
Frauen waren etwas häufiger betroffen als Männer (weiblich: n=66, männlich: n=49). Bei einem Ausbruchsfall lagen keine Angaben zum Geschlecht vor.

Für 91 Erkrankte lagen vollständige Angaben zum Krankenhausaufenthalt vor. Davon wurden 24 (24/91; 26 %) aufgrund der Salmonellose und sechs (6/91; 7 %) aus anderen Gründen stationär behandelt.

Die zeitliche Verteilung der S.-Strathcona-Fälle in den Saisons 2022/2023 bis 2025/2026 ist in Abbildung 4 dargestellt. In der Saison 2025/2026 wurden dabei die höchsten Fallzahlen beobachtet.

Mikrobiologie und Erregergenomanalyse

Die Feintypisierung und Genomanalyse der bakteriellen Erreger erfolgte im Nationalen Referenzzentrum (NRZ) für Salmonellen und andere bakterielle Enteritisreger am RKI. Die hierfür erforderliche Ganzgenomsequenzierung wurde im zentralen Sequenzierlabor des RKI durchgeführt. Die untersuchten S.-Strathcona-Isolate, die zwischen Juni 2025 und März 2026 eingesandt wurden (n=100), unterschieden sich in der Genomanalyse (*Core Genome Multilocus Sequence Typing*, cgMLST) um maximal fünf Allele und waren zudem eng mit den

Anzahl der *S.-Strathcona*-Fälle in DeutschlandAbb. 4 | Monatliche Verteilung der *S.-Strathcona*-Ausbruchsfälle in Deutschland nach Saison, 2022/2023 bis 2025/2026.

S.-Strathcona-Isolaten früherer Ausbrüche verwandt (s. Abb. 5). Im Minimum-Spanning-Tree ist außerdem der im Jahr 2025 nachgewiesene *S.-Strathcona*-Ausbruchsstamm aus italienischen Bio-Cherry-

tomaten enthalten (s. Abb. 5).⁴ Zusätzlich sind bereits verfügbare Isolate der aktuellen Saison 2026/2027 dargestellt (s. Abb. 5).

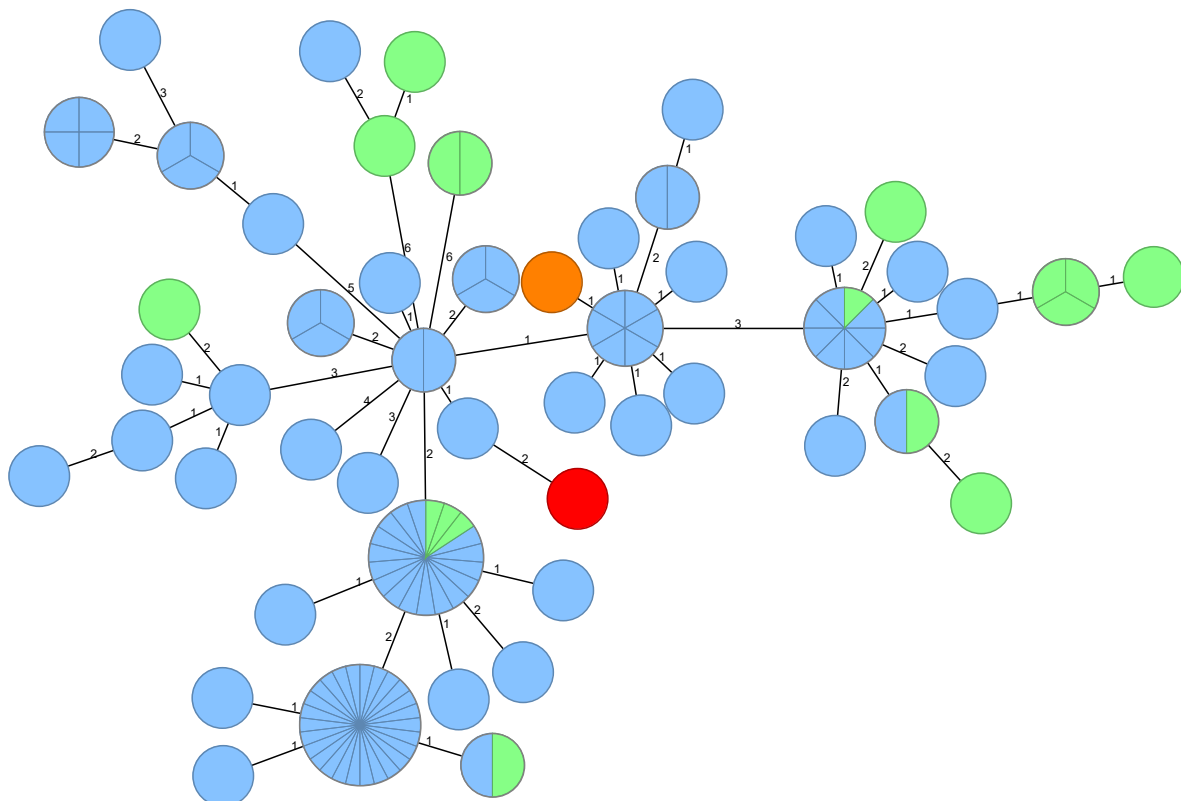


Abb. 5 | Minimum-Spanning-Tree der *S.-Strathcona*-Isolate auf Basis der Genomanalyse mittels *Core Genome Multilocus Sequence Typing* (cgMLST). Blau: Isolate der Saison 2025/2026; rot: Lebensmittelisolat aus Tomaten; grün: Isolate der Saison 2026/2027; orange: Referenzsequenz des Clusters. Jeder Kreis repräsentiert ein cgMLST-Profil; die Kreisgröße entspricht der Anzahl der Isolate mit identischem Profil. Mehrfarbige Kreise zeigen Profile mit Isolatoren aus unterschiedlichen Saisons. Die Zahlen an den Verbindungslinien geben die Anzahl der Alleldifferenzen zwischen den Profilen an.

Befragungsergebnisse von erkrankten Personen in der Saison 2025/2026

Um Hinweise auf die gemeinsame Ansteckungsquelle in der Saison 2025/2026 zu erhalten, führte das RKI zwischen Oktober 2025 und Januar 2026 systematische Datenerhebungen bei Patientinnen und Patienten oder deren Angehörigen zum Lebensmittelverzehr durch.

Von den 116 Fällen konnten 30 Personen (26 %) durch das RKI telefonisch befragt werden. Die Mehrheit der Befragten gab an, im Expositionszeitraum Tomaten verzehrt zu haben. Von den 17 Befragten, deren Expositionsland im Ausland lag, gaben 16 an, Tomaten verzehrt zu haben. Weitere häufig verzehrte Lebensmittel waren Salatgurken und Rucola (s. Tab. 1).

Fünf der Befragten, bei denen das Expositionsland in Deutschland lag, gaben an, Tomaten bei derselben Supermarktkette gekauft zu haben. Nachverfolgungen der Lieferketten durch den Verbraucherschutz ergaben, dass dort im betreffenden Zeitraum Tomaten aus Italien angeboten wurden.

Diskussion

Der erneute *S.-Strathcona*-Ausbruch in der Saison 2025/2026 zeigt, dass *S. Strathcona* in Deutschland weiterhin im Rahmen wiederkehrender Ausbruchsgeschehen auftritt und Teil eines jahrelangen europäischen Ausbruchsgeschehens ist. Mit 116 identifizierten Ausbruchsfällen war dies der bislang größte in Deutschland erfasste *S.-Strathcona*-Ausbruch.

Das saisonale Auftreten sowie die enge genetische Verwandtschaft der untersuchten *S.-Strathcona*-Isolate untereinander und mit Isolaten früherer Ausbrüche fügen sich in das bereits seit 2011 in Europa bekannte Geschehen ein. Die Ergebnisse sprechen dafür, dass die Ausbrüche der vergangenen Jahre keine voneinander unabhängigen Ereignisse sind. Auch die Untersuchung von Daten mehrerer europäischer Länder für die Jahre 2011 bis 2024 zeigte, dass die große Mehrheit der sequenzierten Isolate über Jahre und Länder hinweg eng genetisch verwandt war; dieses Muster ist mit einer gemeinsamen Quelle vereinbar.²

Die epidemiologischen Untersuchungen in der Saison 2025/2026 liefern erneut Hinweise auf einen Zusammenhang zwischen dem Verzehr von Tomaten und dem Auftreten der Erkrankungen. Viele Personen waren in Italien exponiert. Zudem führten Rückverfolgungen der Lieferwege von in Deutschland gekauften Tomaten in mehreren Fällen nach Italien. Neben Tomaten wurden keine weiteren Lebensmittel in so hohen Anteilen genannt. Von den Befragten mit Exposition im Ausland berichteten nahezu alle über den Verzehr von Tomaten in den drei Tagen vor Erkrankungsbeginn. Diese Beobachtungen stehen im Einklang mit den Ergebnissen verschiedener *S.-Strathcona*-Ausbrüche der vergangenen 15 Jahre, bei denen wiederholt Tomaten aus Italien als mögliche bzw. wahrscheinliche Ansteckungsquelle identifiziert wurden.⁵

Tab. 1 | Ausschnitt aus den Befragungsergebnissen der befragten Personen (n=30) im Rahmen der Untersuchung des *S.-Strathcona*-Ausbruchs 2025/2026. Dargestellt sind ausschließlich Lebensmittel bzw. Expositionen, die von mindestens 50 % der Befragten mit Angaben zur jeweiligen Frage bejaht wurden. Mehrfachnennungen waren möglich.

Lebensmittel/ Exposition	Anzahl der Befragten mit der Angabe „ja“ oder „eher ja“	Anzahl der Befragten mit Angaben bei der Frage	Jeweiliger Anteil
Tomaten, generell	25	30	83 %
rote Tomaten	21	28	75 %
mittelgroße Tomaten	15	27	56 %
kleine Tomaten	13	26	50 %
Salatgurken, groß	20	29	69 %
Rucola	16	28	57 %
Äpfel	18	30	60 %
Restaurantbesuch	17	29	59 %

Die Ergebnisse der Befragungen stellen einen wichtigen Baustein für die Ermittlung der Ansteckungsquelle dar, der durch weitere Untersuchungen ergänzt werden muss. Die retrospektiv erhobenen Angaben zu Expositionen und verzehrten Lebensmitteln können durch Erinnerungseffekte verzerrt sein. Zudem konnte nur ein Teil der Ausbruchsfälle befragt werden. Tomaten werden in der Bevölkerung generell häufig verzehrt, sodass ein hoher Verzehranteil unter den Erkrankten nicht zwangsläufig auf ein erhöhtes Erkrankungsrisiko schließen lässt. Der wiederholt beobachtete Zusammenhang gewinnt daher insbesondere durch die Kombination verschiedener Hinweise an Bedeutung: (i) das saisonal wiederkehrende Auftreten von *S. Strathcona*, (ii) die enge genetische Verwandtschaft der *S. Strathcona*-Isolate über verschiedene Ausbruchsjahre hinweg, (iii) der im Rahmen österreichischer Untersuchungen erfolgte Nachweis des *S. Strathcona*-Ausbruchsstamms in italienischen Tomaten sowie (iv) die Ergebnisse der Befragungen und (v) die Untersuchungen der Lebensmittelüberwachung.

Zu Beginn waren viele Erkrankte in Italien exponiert, später zunehmend in Deutschland (s. Abb. 2). Auch europaweit wurde Italien häufig als Expositionsland reiseassoziiert Fälle genannt.⁵

Der Ende 2025 an der Österreichischen Agentur für Gesundheit und Ernährungssicherheit (AGES) gelungene Nachweis des Ausbruchsstamms in Bio-Cherrytomaten aus Italien stützt die epidemiologischen und molekularbiologischen Erkenntnisse zusätzlich.⁴ Darüber hinaus wurde durch die italienischen Lebensmittelüberwachungsbehörden *S. Strathcona* in Bewässerungswasser eines Tomatenproduzenten in Sizilien nachgewiesen; ein im April 2025 gewonnenes Isolat wurde dem Ausbruchskluster zugeordnet.⁵ Diese Erkenntnisse sprechen dafür, dass die Produktionsumgebung und insbesondere das Bewässerungswasser eine Rolle bei der Kontamination von Tomaten spielen könnten.

Die Ausbruchsuntersuchung verdeutlicht außerdem den besonderen Nutzen der Integrierten Genomischen Surveillance. Durch die Ganzgenomanalyse konnten Erkrankungsfälle als Teil eines gemeinsamen Ausbruchsgeschehens erkannt und mit frühe-

ren *S. Strathcona*-Ausbrüchen in Verbindung gebracht werden. Gerade bei einem über mehrere Monate andauernden und geografisch weit verteilten Geschehen können solche Zusammenhänge schwer erkennbar sein. Die Verknüpfung von Erregersequenzdaten mit epidemiologischen Informationen sowie mit Erkenntnissen der Lebensmittelüberwachung ist daher von zentraler Bedeutung für die Aufklärung derartiger Ausbrüche.

Schlussfolgerung

Der *S. Strathcona*-Ausbruch 2025/2026 stellt den bisherigen Höhepunkt der seit mehreren Jahren wiederkehrenden Ausbruchsgeschehen dar. Das wiederholte Auftreten genetisch eng mit dem Ausbruchskluster verwandter *S. Strathcona*-Isolate sowie die wiederholten Hinweise auf Tomaten aus Sizilien und die Nachweise des Ausbruchsstamms in Lebensmitteln und Bewässerungswasser sprechen für eine persistierende Kontaminationsquelle. Weitere zielgerichtete Untersuchungen in der Tomatenproduktion und im Tomatenhandel sind entscheidend, um mögliche Kontaminationswege aufzuklären, geeignete Präventionsmaßnahmen abzuleiten und dadurch wiederkehrende Ausbrüche und Erkrankungen in der Bevölkerung zu vermeiden.

Trotz dieser seit einigen Jahren vorliegenden Erkenntnisse werden auch in dieser Saison erneut *S. Strathcona*-Erkrankungsfälle sowohl in Deutschland als auch in anderen europäischen Ländern identifiziert, deren Isolate molekular-genetisch eng mit dem Ausbruchskluster der vergangenen Jahre verwandt sind.

Seit Juni 2026 zählt das RKI mit Datenstand vom 16.9.2026 bereits 39 Fälle zu diesem erneuten Ausbruchsgeschehen. Die derzeit am RKI laufenden Befragungen liefern erneut Hinweise auf Aufenthalte in Italien im Expositionszeitraum sowie auf den Verzehr von Tomaten.

Literatur

- 1 Muller L, Kjelso C, Frank C, *et al.*: Outbreak of *Salmonella* Strathcona caused by datterino tomatoes, Denmark, 2011. *Epidemiol Infect* 2016;144;13:2802–11. DOI 10.1017/S0950268816000121
- 2 Brait V, Böff L, Zmarlak-Feher NM, *et al.*: Insights into recurring multi-country outbreaks of *Salmonella* Strathcona associated with tomatoes, Europe, 2011 to 2024. *Euro Surveill* 2025;30;41. DOI 10.2807/1560-7917.ES.2025.30.41.2500224
- 3 European Centre for Disease Prevention and Control, European Food Safety Authority: (2024). Prolonged multi-country outbreak of *Salmonella* Strathcona ST2559 possibly linked to consumption of tomatoes – 12 November 2024; <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/rapid-outbreak-assessment-prolonged-multi-country-outbreak-salmonella-strathcona>
- 4 Kornschöber C, Köberl-Jelovcan S: (2026). Nationale Referenzzentrale *Salmonella* – Jahresbericht 2025
- 5 European Centre for Disease Prevention and Control, European Food Safety Authority: (2025). Prolonged multi-country outbreak of *Salmonella* Strathcona ST2559 linked to consumption of tomatoes in the European Union/European Economic Area – first update, (TQ-01-25-062-EN-N). https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/ROA_%20Strathcona-ST2559_multi-country.pdf

Autorinnen und Autoren

- ^{a)} Hanna Buck M.Sc. | ^{a)} Dr. Anika Meinen |
^{b)} Dr. Michael Pietsch | ^{b)} Dr. Sandra Simon |
^{a)} Clara Spieker MPH | ^{a)} PD Dr. Hendrik Wilking M.Sc. |
^{b)} Prof. Dr. Antje Flieger
- ^{a)} Robert Koch-Institut, Gastrointestinale Infektionen, Zoonosen und tropische Infektionen
^{b)} Robert Koch-Institut, Bakterielle darmpathogene Erreger und Legionellen und Nationales Referenzzentrum für *Salmonellen* und andere bakterielle Enteritiserreger

Korrespondenz: FG35-Salm@rki.de

Interessenkonflikt

Die Autorinnen und Autoren geben an, dass keine Interessenkonflikte bestehen.

Verwendung von Künstlicher Intelligenz

„DeepL Write“ bei der Textüberarbeitung

Vorgeschlagene Zitierweise

Buck H, Meinen A, Pietsch M, Simon S, Spieker C, Wilking H, Flieger A: Jährlich wiederkehrende Ausbrüche durch *Salmonella* Strathcona in Deutschland – hohe Fallzahlen in der Saison 2025/2026

Epid Bull 2026;39:17-23 | DOI 10.25646/14463

Danksagung

Das RKI möchte sich auf diesem Weg bei allen mitwirkenden Behörden und besonders auch bei allen Personen, die sich für eine Befragung zur Verfügung gestellt haben, bedanken.

Open access



Creative Commons Namensnennung 4.0 International