

Wissenschaftliche Einrichtungen Veterinary Public Health
Institut für Fleischhygiene und –technologie
des Fachbereiches Veterinärmedizin
der Freien Universität Berlin

**Varianten in der Brühtechnik
bei der Gewinnung von Putenfleisch:
mikrobiologische Gegenüberstellung und
molekularbiologische Verlaufsuntersuchung (PFGE)**

Inaugural – Dissertation
zur Erlangung des Grades eines
Doktors der Veterinärmedizin
an der
Freien Universität Berlin

vorgelegt von
Constance Maria Grabowski
Tierärztin aus Bochum

Berlin 2008
Journal–Nr.: 3186

Gedruckt mit Genehmigung
des Fachbereichs Veterinärmedizin
der Freien Universität Berlin

Dekan: Univ.-Prof. Dr. Leo Brunenberg
Erster Gutachter: Univ.-Prof. Dr. Reinhard Fries
Zweiter Gutachter: Univ.-Prof. Dr. Dr. Mohamed Hafez Ahmed Hafez
Dritter Gutachter: Univ.-Prof. Dr. Goetz Hildebrandt

Deskriptoren (nach CAB-Thesaurus):

poultry, turkeys, turkey meat, scalding, processing, abattoirs, meat hygiene,
Salmonella, *Campylobacter*, microbial contamination, bacterial counting, pulsed field
electrophoresis

Tag der Promotion: 16.04.2008

Bibliografische Information der *Deutschen Nationalbibliothek*
Die Deutsche Nationalbibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen
Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über
<<http://dnb.ddb.de>> abrufbar.

ISBN-13: 978-3-86664-444-1

**Zugl.: Berlin, Freie Univ., Diss., 2008
D188**

Dieses Werk ist urheberrechtlich geschützt.

Alle Rechte, auch die der Übersetzung, des Nachdruckes und der Vervielfältigung des Buches, oder
Teilen daraus, vorbehalten. Kein Teil des Werkes darf ohne schriftliche Genehmigung des Verlages in
irgendeiner Form reproduziert oder unter Verwendung elektronischer Systeme verarbeitet,
vervielfältigt oder verbreitet werden.

Die Wiedergabe von Gebrauchsnamen, Warenbezeichnungen, usw. in diesem Werk berechtigt auch
ohne besondere Kennzeichnung nicht zu der Annahme, dass solche Namen im Sinne der
Warenzeichen- und Markenschutz-Gesetzgebung als frei zu betrachten wären und daher von
jedermann benutzt werden dürfen.

This document is protected by copyright law.

No part of this document may be reproduced in any form by any means without prior written
authorization of the publisher.

alle Rechte vorbehalten | all rights reserved

© mbv 2008

Nordendstr. 75 - 13156 Berlin – 030-45494866
verlag@menschundbuch.de – www.menschundbuch.de

Inhalt

1.	Einleitung	1
2.	Literaturübersicht	2
2.1.	Die Pute bzw. das Truthuhn	2
2.1.1.	Taxonomie	2
2.1.2.	Herkunft und Zuchtlinien	2
2.1.3.	Putenhaltung	3
2.2.	Schlacht- und Fleischgewinnungsablauf beim Geflügel	6
2.2.1.	Schlachtgeflügeluntersuchung	6
2.2.2.	Entladen und Einhängen ins Transportband	6
2.2.3.	Betäubung	6
2.2.4.	Entblutung	7
2.2.5.	Brühen	8
2.2.6.	Rupfen	9
2.2.7.	Weitere Arbeitsschritte	9
2.2.8.	Eviszeration	9
2.2.9.	Geflügelfleischuntersuchung	10
2.2.10.	Organbearbeitung	10
2.2.11.	Weitere Arbeitsschritte	10
2.2.12.	Kühlung	10
2.2.13.	Zerlegung, Verarbeitung und Vermarktung	11
2.3.	Mikrobiologische Daten zur Fleischgewinnungslinie	12
2.3.1.	(Kreuz-) Kontaminationsquellen während der Gewinnung von Geflügel- fleisch	12
2.3.2.	Aerobe Keimzahl	12
2.3.3.	Salmonella	15
2.3.4.	Campylobacter	20
2.4.	Die Zoonoseerreger	24
2.4.1.	Genus Salmonella	24
2.4.2.	Genus Campylobacter	31
2.5.	Bekämpfung der Zoonoseerreger <i>Salmonella</i> und <i>Campylobacter</i> bzw. Präventionsmaßnahmen	37

II	Inhalt
2.5.1. In der Haltung	37
2.5.2. Beim Transport und während der Schlachtung	38
2.5.3. Übergreifende Aspekte	39
3. Eigene Untersuchungen	41
3.1. Material	41
3.2. Methoden	43
3.2.1. Feststellung der aeroben Keimzahl	43
3.2.2. Statistische Auswertung	45
3.2.3. Untersuchung auf <i>Salmonella</i>	45
3.2.4. Untersuchung auf <i>Campylobacter</i>	53
4. Ergebnisse	60
4.1. Konventionelle Untersuchung	60
4.1.1. Aerobe Keimzahl	60
4.1.2. Ergebnisse der Untersuchung auf <i>Salmonella</i>	63
4.1.3. Ergebnisse der Untersuchung auf <i>Campylobacter</i>	66
4.2. Ergebnisse der molekularbiologischen Untersuchungen	68
4.2.1. Salmonella	68
4.2.2. Campylobacter	74
5. Diskussion	80
5.1. Technischer Betriebsvergleich	80
5.2. Gewinnung des Probenmaterials	80
5.3. Untersuchungsmethoden	82
5.3.1. Nachweismethoden	82
5.3.2. Tiefgefrieren des Probenmaterials	83
5.4. Keimbelastung im Schlachtbetrieb	84
5.4.1. Ergebnisse der konventionellen Untersuchung	84
5.4.2. Molekularbiologische Ergebnisse	86
5.5. Schlussfolgerungen zur Dampfbrühung	88
5.6. Anforderungen seitens der Gesetzgebung in der EU	89
6. Zusammenfassung	90
7. Summary	92
8. Literaturverzeichnis	94
8.1. Wissenschaftliches Schrifttum	94
8.2. Rechtszitierungen	101

Inhalt	III
8.2.1. EU-Recht	101
8.2.2. Nationales Recht	102
8.3. Normen	102
8.4. Internetadressen	102
9. Anhang	103
9.1. Eingesetztes Labormaterial und Herstellerangaben	103
9.1.1. Material für die konventionelle Untersuchung	103
9.1.2. Material für die molekularbiologische Untersuchung	106
9.2. Ergebnisse der mikrobiologischen Untersuchungen, tabellarisch	108
9.3. Phäno- und genotypische Charakterisierung der <i>Salmonella</i> -Isolate	120
9.4. Phäno- und genotypische Charakterisierung der <i>Campylobacter</i> -Isolate	120

Abkürzungen

A. dest.	aqua destillata
Abb.	Abbildung
BgVV	Bundesinstitut für gesundheitlichen Verbraucherschutz und Veterinärmedizin, Berlin
BHI-Bouillon	Brain-Heart-Infusion
BPLS	Brillantgrün-Phenolrot-Lactose-Saccharose Agar
C.	<i>Campylobacter</i>
ca.	circa
CFU	colony-forming unit(s)
cm ²	Quadratcentimeter
CO ₂	Kohlendioxid
DNA	Deoxyribonucleinsäure
DSM, DSMZ	Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH, Braunschweig
E. coli	Escherichia coli
et al.	„et alii“
g	Gramm
h	Stunde
H ₂ S	Schwefelwasserstoff
i.d.R.	in der Regel
Kap.	Kapitel
KbE	Kolonie bildende Einheiten
kg	Kilogramm
l	Liter
LFGB	Lebensmittel-, (Bedarfsgegenstände-) und Futtermittelgesetzbuch
lg	Logarithmus zur Basis 10 (log ₁₀)
LMBG	Lebensmittel- und Bedarfsgegenstandegesetz
log	Logarithmus (zu einer beliebigen Basis)
m ²	Quadratmeter
min	Minute
mind.	mindestens
ml	Milliliter
mm	Millimeter
N ₂	Stickstoff

nm	Nanometer
nR	nach dem Rupfen
Nr.	Nummer
O ₂	Sauerstoff
PCR	Polymerase Chain Reaction
PFGE	Pulsed-Field Gel Electrophoresis
PSE	pale, soft, exsudative muscle
R	resistent
Rb	Rambach Agar
rpm	rounds per minute
S	sensibel
S.	<i>Salmonella</i>
S.	Seite
sog.	so genannt
spp.	Spezies (Plural)
Tab.	Tabelle
TSI	Triple-Sugar-Iron-Agar
u.a.	unter anderem
UV-Licht	Ultraviolettes Licht
V	Volt
vB	vor dem Brühen
vgl.	vergleiche
vK	vor der Kühlung
VO	Verordnung
VP-Reaktion	Voges Proskauer-Reaktion
wK	während der Kühlung
XLD-Agar	Xylose-Lysin-Desoxycholat-Agar
z.B.	zum Beispiel
z.T.	zum Teil
%	Prozent
§	Paragraph
°C	Grad Celsius
μl	Mikroliter

1. Einleitung

Geflügelprodukte nehmen bei den Verbrauchern einen hohen Stellenwert ein. Der geringe Fettgehalt des Fleisches sowie der Gehalt an hochwertigem Eiweiß, Vitaminen und Mineralstoffen sorgt ebenso wie seine Vielseitigkeit (Angebot portionsgerechter Geflügelteile, Wurstwaren und Fertiggerichte) und die Haltung der Tiere auf Einstreu, z.T. in Offenställen, für ein positives Verbraucherimage.

Auf der anderen Seite ist Geflügelfleisch mit Zoonoseerregern belastet. *Salmonella* und *Campylobacter* sind zum einen die beiden Hauptverursacher für lebensmittelbedingte Erkrankungen in Deutschland bzw. in den Industrienationen allgemein und zum anderen besonders stark in Geflügelbeständen verbreitet.

Dieser Sachverhalt ist auch bei der Fleischgewinnung von Interesse. Die vorderen Bereiche der Fleischgewinnungslinie stellen derzeit die wichtigsten Hygieneschwachpunkte dar. Mit technischen Neuerungen wird daher insbesondere versucht, das Risiko einer möglichen Kreuzkontamination zu verringern.

Ziel dieser Arbeit war es, einen Eindruck der mikrobiologischen Belastung von Puten während des Fleischgewinnungsprozesses zu erhalten und zu sehen, ob sich der Einsatz der Dampfbrühung anstelle der (konventionellen) Brühtechnik im Wasserbad positiv auf die Keimbelastung auswirkt. Zu diesem Zweck wurden Hautproben der Tiere während der Schlachtung und Fleischgewinnung entnommen und anschließend auf die aerobe Keimzahl als allgemeinen Hygieneparameter und auf die Zoonoseerreger *Salmonella* und *Campylobacter* untersucht.

Darüber hinaus sollte geklärt werden, ob und wie weit die eingebrachte zoonotische Mikroflora im Fleischgewinnungsablauf verbreitet wird.

Zu diesem Zweck wurden Proben aus zwei Geflügelschlachtbetrieben (Puten) mit unterschiedlicher technischer Lösung des Brühvorganges mikrobiologisch untersucht. *Salmonella*-Isolate und eine Auswahl der *Campylobacter*-Isolate wurden zusätzlich molekularbiologisch analysiert.

2. Literaturübersicht

2.1. Die Pute bzw. das Truthuhn

2.1.1. Taxonomie

Die Bronzetruthühner (*Meleagris gallopavo*) gehören zur Gattung *Meleagris* der Familie *Meleagrididae* (Truthühner) (RAETHEL 1988).

Charakteristisch für diese Familie sind der schlanke, relativ lange Schnabel mit schmalen langovalen Nasenöffnungen und der weitgehend unbefiederte Kopf und Oberhals. Adulte Puter haben einen zapfenartig von der Stirn herabhängenden, bei der Balz erigierbaren Klunker, der bei Hennen nur angedeutet ist. Die weiblichen Tiere sind wesentlich kleiner, und ihr Hals ist höher vollbefiedert. Das Gefieder ist dunkel und glänzt metallisch (RAETHEL 1988).

2.1.2. Herkunft und Zuchtlinien

Die Wildpute kam ursprünglich in Amerika vor, mit einer Subspezies in Mexiko und Zentralamerika und einer zweiten in den heutigen USA, die ein charakteristisches bronzenes Gefieder aufwies und von der die heutigen kommerziellen Linien der Hauspute abstammen (HAFEZ 1997; MOZDZIAK 2004). Anfang des 16. Jahrhunderts wurde sie nach Spanien gebracht und verbreitete sich von dort über Westeuropa. Die weitere Entwicklung fand in Europa und den USA statt, die sich auch gegenseitig beeinflussten. Ein Austausch von Tieren erfolgte z.B. durch europäische Auswanderer oder auf Tieraustellungen. Durch Kreuzung schwerer, fleischiger Sheffield-Puten mit einheimischen Hennen entstand in den USA die Broad-Breasted-Bronze, die 1938 standardisiert wurde und als Vorfahre aller modernen wirtschaftlich genutzten Putenstämme gilt (HAFEZ 1997). Heutige Standardrassen sind Broad Breasted Bronze, White Holland, Naragansett, Black, Bourban, Royal Palm und Slate (MOZDZIAK 2004). Nach MOZDZIAK (2004) werden für die moderne Produktion große weiße Puten genutzt, die sich aus der White Holland, als der einzigen weißen Rasse zu Beginn des 20. Jahrhunderts, und der Broad Breasted Bronze mit ihrer schnellen Wachstumsrate entwickelten. Der Durchbruch kam nach MEYER (2000) mit der sog. Breitbrustpute, die sich durch eine breite, vollfleischige Brust und größte Wirtschaftlichkeit auszeichnet und 1962 als „bb-Pute“ in Deutschland eingeführt wurde. Die Pute veränderte sich in der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts stark. Während 1972 ein Hahn mit 22 Wochen

ca. 11,5 kg wog, liegt sein Schlachtgewicht gut 20 Jahre später bei 19 kg. Bei der Henne stieg das Mastendgewicht um 3 kg (FELDHAUS und SIEVERDING 2001). MOZDZIAK (2004) macht folgende Gewichtsangaben: Ende der 50er Jahre wurde ein Puter mit 10-11 kg vermarktet, 1974 erreichte er in 28 Wochen 16 kg und 1998 in 22 Wochen 18 kg. Besonderer Wert wurde dabei nach FELDHAUS und SIEVERDING (2001) auf den überproportionalen Zuwachs des Brustfleischantteils gelegt, der bei einem gut gemästeten Hahn mit 19 kg Lebendgewicht einen Anteil von über 31 % ausmacht. MOZDZIAK (2004) weist auf die daraus entstandenen Probleme hin. Die Größe des Brustmuskels verhindert die Paarung, und in diesem Muskel gibt es fokale Myopathien, die sich durch vergrößerte Muskelzellen auszeichnen. BRANSCHIED et al. (2004) vergleichen diese Probleme des Zellstoffwechsels im Rahmen der Muskelhypertrophie mit der beim Schwein (PSE) und weisen auf die weite Verbreitung des Aviären Stress-Syndroms hin.

2.1.3. Putenhaltung

2.1.3.1. Hybridzucht

Die Basiszucht- und Großelternbetriebe befinden sich nach HAFEZ (1997) in England, den USA, Israel und Kanada, die die Elterntiere als Eintagsküken oder Bruteier exportieren. Heute gibt es weltweit drei bedeutende Zuchtunternehmen: B.U.T.(A.) (British United Turkeys Ltd., England, USA), N.T.B.F. (Nicholas Turkey Breeding Farms, USA, Schottland) und Hybrid (Hybrid, Kanada) (MEYER 2000). Die heutigen Putenherkünfte resultieren aus 3- oder 4-Linien-Kreuzungen (MEYER 2000), wobei sich eine 3-Linien-Kreuzung nach HAFEZ (1997) aus einer schweren fleischbringenden Hahnenlinie, einer Hennenlinie mit guten Reproduktionseigenschaften und einer auf Fleischertrag ausgelegten Hennenlinie zusammensetzt. In Deutschland dominiert die schwere Herkunft „Big 6“ der B.U.T. (MEYER 2000). Die Brütereien sind den Elterntierfarmen angeschlossen, und die Eintagsküken gehen direkt in die Mästereien. Die Organisation bezüglich Einstellungsdatum und Schlachttermin liegt meist bei den Schlachtbetrieben (HAFEZ 1997).

2.1.3.2. Kunstbrut

Die Brutdauer liegt bei 28 Tagen. Während der Vorbrut (die ersten 24 Tage) herrscht in den Brutmaschinen eine Temperatur von 37,6 °C und eine relative Luftfeuchtigkeit von 55 - 60 %. Im Schlupfbrüter (25. - 28. Tag) liegt die Temperatur dann zwischen 36,2 °C und 37,2 °C, die

Luftfeuchtigkeit bei 80 - 85 %. Die Bruteier werden regelmäßig, i.d.R. stündlich, gewendet und zwischen dem 9. und 14. Tag geschiert.

Bei Puten handelt es sich um Nestflüchter, die schon beim Schlupf ein vollständiges Daunengefieder aufweisen und weitgehend selbstständig sind (HAFEZ 1997; FELDHAUS und SIEVERDING 2001).

2.1.3.3. Elterntierhaltung

Die Bruteier werden in Elterntierfarmen produziert (Intensivhaltung auf Tiefstreu). Dazu werden die Elternhennen in Jalousienställen gehalten, während die Hähne getrennt von den Hennen in kleinen Gruppen gehalten werden. Die Trennung nach Geschlecht erfolgt in der 18. bis 20. Lebenswoche. Die Besatzdichten liegen in den ersten Wochen bei 5,4 Hennen bzw. 3,6 Hähnen pro m², in der 29. – 56. Lebenswoche bei 1,8 Hennen respektive 1,0 - 1,8 Hähnen pro m². Vor der ersten Eiablage sollten die Hennen 3mal innerhalb von 10 Tagen instrumentell besamt werden, im Anschluss einmal pro Woche. Die Legeperiode dauert 24 Wochen, in denen die Hennen durchschnittlich 90 - 110 Eier legen, aus denen ca. 70 - 90 Küken schlüpfen.

Die Hähne werden mindestens einmal pro Woche abgesamt. Das Sperma ist perlweiß und enthält ca. 7 - 12 Millionen Spermien/mm³. Es kann 1:1 verdünnt werden und sollte innerhalb von 30 Minuten verbraucht werden (Frischsperma). Die Bruteier werden mind. 10 - 12 mal täglich eingesammelt und sollten sauber sowie normal pigmentiert sein, über 70 g wiegen und keine Schalendefekte haben (HAFEZ 1997; FELDHAUS und SIEVERDING 2001).

2.1.3.4. Mastputenhaltung

In der Mastputenhaltung wird die 6-wöchige Aufzuchtphase, an deren Ende die Tiere voll befiedert sind, und die anschließende Mastphase unterschieden.

Die Mastputenhaltung erfolgt als Intensivhaltung zumeist in Offenställen. Da die freie Lüftung für den hohen Frischluftbedarf der Puten und zur Klima- bzw. Temperaturregulation oft nicht ausreicht, gibt es unterstützende Methoden, z.B. Entlüftungsöffnungen im Dach mit und ohne Ventilatoren oder die Lufterinlasskühlung. Die Tiere werden in Bodenhaltung auf Tiefeinstreu gemästet. Die Einstreu besteht aus Hobelspänen, später wird mit Roggen-, Gersten- oder Weizenstroh nachgestreut. Die Tiere müssen sich im Stall frei bewegen und ungehindert Wasser und Futter erreichen können. Das Fütterungsprogramm besteht aus 6 Phasen verteilt auf 23 Wochen.

Die Aufzuchtphase beginnt mit der Einstellung der Küken in die sog. Kükenringe, die aus Presspappe oder Maschendraht bestehen und ca. eine Woche im Stall verbleiben. In der Mitte jeden Ringes befindet sich eine Wärmequelle (Gasstrahler) und rundherum die Futter- und Wasserstellen. Die Stalltemperatur sollte bei 20 °C liegen, unter dem Gasstrahler bei 35 °C. Die optimale Besatzdichte hängt von der Mastart (Kurz- oder Langmast), der Stallbauart sowie der Jahreszeit ab.

Tab. 2-1: Mastformen und ihre jeweilige Dauer, Besatzdichte und Endgewichte (HAFEZ 1997; FELDHAUS und SIEVERDING 2001)

	Mastdauer (Wochen)	Besatzdichte (Tiere/m²)	Endgewicht, lebend (kg)
Kurzmast (Babyputenmast)	9-12	7-8	3-6
Hennenmast (Langmast)	16-17	bis 5	8,5-10
Hahnenmast (Langmast)	20-23	bis 2,5	17-20

In der Mastphase beginnt die getrenntgeschlechtliche Mast, wobei die Hennen im Aufzuchtstall verbleiben und die Hähne in den Maststall umgestallt werden. Änderungen bei Futter und Einstreu sollten nicht gleichzeitig mit dem Umstellen vorgenommen werden, um den Stress der Tiere nicht unnötig zu vergrößern (HAFEZ 1997; FELDHAUS und SIEVERDING 2001).

2.1.3.5. alternative Putenhaltung

Bei der Auswahl der Putenherkünfte für die ökologische Haltung ist auf langsames Wachstum, Vitalität, Robustheit, Beinstabilität und Fleischqualität (feinfaserig) zu achten. Besonders geeignet ist dafür nach FELDHAUS und SIEVERDING (2001) die bronzefarbene Kelly-Pute. Die Eintagsküken werden konventionell mit ökologischem Futter aufgezogen und nach der 5. Woche in Ställe mit Freilandauslauf umgestallt. Die Besatzdichte sollte nur halb so hoch wie in der konventionellen Haltung sein. Die Mast ist in drei Fütterungsphasen eingeteilt (Putenstarter, Putenfutter für die Mittelmast und Endmast). Die Hennen erreichen nach 125 Tagen ein Gewicht von 8,3 kg, während die Hähne 16,4 kg nach 164 Tagen erreichen (FELDHAUS und SIEVERDING 2001).

2.2. Schlacht- und Fleischgewinnungsablauf beim Geflügel

Bei der Schlachtung von Tieren wird im Prozessablauf zwischen der unreinen und reinen Seite unterschieden (FRIES 2001) oder vom Schwarz-Weiß-System gesprochen.

Der Großteil der im folgenden gemachten Angaben bezieht sich auf Broiler. Abweichende Angaben bei Puten sind entsprechend vermerkt.

Von Schlachtbetrieb zu Schlachtbetrieb gibt es Unterschiede in Ablauf und Ausstattung, die stark von der Betriebsgröße bzw. der Bandgeschwindigkeit abhängen und sich besonders im Automatisierungsgrad zeigen. Ein typischer Produktionsablauf beinhaltet: Entladen, Betäuben, Entbluten, Brühen und Rupfen, Entfernen der Ständer, Eviszeration, Untersuchung, Entfernen von Lunge, Kopf, Kropf und Luftröhre, Waschen, Kühlen und Verpacken (GRACEY und COLLINS 1992; BARBUT 2004).

2.2.1. Schlachtgeflügeluntersuchung

Nach Anhang I, Abschnitt IV, Kap. V der VO (EG) Nr. 854/2004 wird Geflügel vor der Schlachtung einer Schlachtieruntersuchung unterzogen, die im Herkunftsbetrieb (mit Ausstellung einer Gesundheitsbescheinigung) oder am Schlachtbetrieb erfolgen kann.

2.2.2. Entladen und Einhängen ins Transportband

Puten werden manuell aus den Transportkäfigen von den Lastwagen genommen und mit den Ständern in das Transportband eingehängt, so dass sie kopfunter transportiert werden (FELDHAUS und SIEVERDING 2001; BARBUT 2004). Automatische Entladesysteme, bei denen die Transportkisten angehoben und langsam auf ein Beförderungsband gleiten, sind Teil eines modularen Kastensystems (BARBUT 2004).

2.2.3. Betäubung

Vor der Schlachtung müssen Tiere betäubt werden. Ausnahmen sind aus religiösen Gründen möglich. Die Betäubung muss innerhalb von drei Minuten nach dem Aufhängen der Tiere erfolgen. Dies erfolgt durch elektrischen Strom, Gas oder mechanisch (BARBUT 2004). Am häufigsten wird beim Geflügel die Elektrobetäubung benutzt, bei der der nach unten hängende Kopf durch ein stromführendes Wasserbad geleitet wird (FRIES 2001; BARBUT 2004). In Abhängigkeit von der Stromstärke wird ein epileptiformer Anfall ausgelöst, somatosensibel evozierte Potentiale (SEP) im Gehirn aufgehoben oder ein Herzstillstand ausgelöst (RAJ

1998; FRIES 2001). Nach FRIES (2001) hat sich das Prinzip der Ganzkörperdurchströmung durchgesetzt.

Zur Gasbetäubung werden Kohlendioxid, Argon und Stickstoff verwendet. Die Tiere verbleiben in den Transportkisten und werden erst nach der Betäubung entnommen und in das Transportband gehängt (RAJ 1998; VON WENZLAWOWICZ et al. 2000; BARBUT 2004). Die Konzentrationsangaben für CO₂, O₂ und Luft sowie ihre Mischung sind unterschiedlich. Die Angaben für CO₂ reichen von 40 % - 80 % (VON WENZLAWOWICZ et al. 2000) bzw. 40 % - 90 % (RAJ 2004). RAJ (1998) empfiehlt für eine humanere Betäubung bzw. Tötung eine Gasmischung aus 30 % Kohlendioxid und 60 % Argon in Luft oder 90 % Argon in Luft. Damit wird das Geflügel getötet, da es ansonsten sehr schnell das Bewusstsein wiedererlangt. Auch BARBUT (2004) weist auf das sofortige Entnehmen der Tiere aus den Boxen nach der Betäubung hin.

2.2.3.1. Besonderheiten bei der Pute

Die Mindeststromstärke im Wasserbad muss nach Anlage 3, Teil II, Nr. 3.4 TierSchlV innerhalb der ersten Sekunde 0,15 Ampère erreichen und für 4 Sekunden fließen können (Angaben für Tötung mit Blutentzug).

Die Vorteile der Gasbetäubung zeigen sich besonders bei Puten, da für sie der Einhängestress aufgrund ihrer Größe besonders stark ist (Kreislaufbelastung während des Kopfüberhängens). Verletzungen durch Flügelschlagen entfallen ebenso wie schmerzhaftes Stromstöße, die durch das Hochziehen von Kopf und Hals zustande kommen, wodurch zuerst Flügel oder Brust Kontakt mit dem Wasser haben (RAJ 1998; VON WENZLAWOWICZ et al. 2000; FRIES 2001).

2.2.4. Entblutung

Der Entblutungsschnitt muss spätestens 20 Sekunden nach der Elektrobetäubung erfolgen, wenn im Hängen entblutet wird. Das Durchtrennen der Halsschlagader erfolgt entweder manuell oder durch ein rotierendes Messer am Ende einer Führungsschiene für den Hals (GRACEY und COLLINS 1992; FELDHAUS und SIEVERDING 2001; FRIES 2001; BARBUT 2004). Falls der Entblutungsschnitt automatisch durchgeführt wird, ist eine Kontrollperson notwendig, die eventuelle Fehlschnitte korrigiert (GRACEY und COLLINS 1992; FRIES 2001). Das anschließende Ausbluten erfolgt über einer Ausbluterinne (FELDHAUS und SIEVERDING 2001). FRIES (2001) gibt dafür Zeiten von 55 Sekunden

bis 2 Minuten an, BARBUT (2004) nennt 2 bis 5 Minuten. Die minimale Entblutungszeit für Puten liegt nach GRACEY und COLLINS (1992) bei zwei Minuten.

2.2.5. Brühen

Geflügel wird gebrüht, um den anschließenden Rupfvorgang zu erleichtern, da die Muskeln um die Federfollikel durch das warme Wasser relaxieren (CASON et al. 2000). Der Brühvorgang kann je nach Betriebsgröße manuell oder kontinuierlich am Band erfolgen (BARBUT 2004). Dabei gibt es zum einen Unterschiede bei den Brühtemperaturen, zum anderen beim Brühgerät an sich.

FRIES (2001) unterscheidet für Broiler zwischen zwei Temperaturbereichen, dem Niedrigbrühen (low scald; 50 - 54 °C für 2 - 5 Minuten) und dem Hochbrühen (sub scald; 55 - 60 °C für 1 - 3 Minuten). BARBUT (2004) nennt drei Systeme: soft/semi-scalding bei 50 - 53 °C für 1 - 3 Minuten, medium/sub-scalding bei 54 - 58 °C für 1 - 2 Minuten und hard scalding bei > 60 °C für 45 - 90 Sekunden. GRACEY und COLLINS (1992) geben für das low-temperature scald eine Brühtemperatur von 50 °C für Broiler und eine höhere Temperatur für Puten an. Welche Bedingungen verwendet werden, hängt von der Art der Federn, der folgenden Kühlmethode und dem Alter der Tiere ab. Nach BARBUT (2004) werden junge Broiler und Puten unter 53 °C gebrüht, das Hochbrühen wird bei ausgewachsenen Tieren angewendet, und Wassergeflügel wird über 60 °C gebrüht.

Das Brühen erfolgt derzeit meistens in Tanks, die mit Wasser gefüllt sind und durch die die Tiere hindurchgezogen werden. Mit dem Ziel der Hygieneverbesserung wurden mehrere Tanks hintereinander gesetzt, das Gegenstromprinzip eingeführt und die Dampfbrühung entwickelt.

Beim **konventionellen** Brühltank werden die Tierkörper (Puten in den Untersuchungen von CLOUSER et al. 1995; Broiler in denen von CASON et al. 1999) z.T. mehrfach durch denselben Tank geführt.

Multistage-Systeme bestehen aus 2 - 4 einzelnen Wassertanks, wobei die Karkassen vom anfangs stark belasteten zum saubersten Tank gelangen (BARBUT 2004).

Beim vorgeschriebenen **Gegenstromprinzip** wird sauberes Wasser am Tankausgang zugeführt. Außerdem laufen Tierkörper und Wasserstrom in entgegengesetzter Richtung (BARBUT 2004). CASON et al. (1999) beschreiben dabei eine Variante mit drei Einzeltanks, durch die die Broiler je zweimal hin- und hergeführt werden.

Dampfbrühung: CLOUSER et al. (1995) beschreiben bei Puten eine Kombination aus Wasserberieselung und anschließendem Wasserdampf (Dampf-Sprüh-Technik).

2.2.6. Rupfen

Beim Rupfen werden die Federn aus den Federbälgen mittels rotierender Scheiben, die mit Gummifingern besetzt sind, herausgeschlagen. Meistens sind mehrere Rupfer hintereinander geschaltet (Vor- bzw. Nachrupfer) (FRIES 2001; BARBUT 2004). GRACEY und COLLINS (1992) weisen auf die korrekte Justierung der Maschinen hin, damit die Karkassen nicht beschädigt werden. Auch FELDHAUS und SIEVERDING (2001) verweisen auf die notwendige Abstimmung von Brühtemperatur, Brühdauer sowie Stärke der Rupffinger, um die äußere Haut nicht zu beschädigen. Das Rupfen per Hand kommt in kleinen Betrieben vor oder wenn die Federn zur weiteren Verwendung gesammelt werden (BARBUT 2004).

2.2.7. Weitere Arbeitsschritte

Danach durchlaufen Broiler den „Köpfe- und Luftröhrenzieher“ sowie den „Hälsekneifer“ (FRIES 2001), wobei die Halswirbelsäule von der restlichen Wirbelsäule durch Brechen getrennt wird. BARBUT (2004) beschreibt diese Arbeitsschritte erst nach der Untersuchung des Tierkörpers.

Die Ständer werden im Tarsalgelenk vom restlichen Tierkörper abgetrennt. Danach ist bei Broilern ein Umhängen auf ein anderes Band notwendig (FRIES 2001; BARBUT 2004).

Auf der reinen bzw. weißen Seite wird nun die Körperhöhle auf dem so genannten **Eviszerationsband** eröffnet. Besonders in diesem Prozessabschnitt ist eine genaue Schnittführung erforderlich (FRIES 2001; BARBUT 2004).

2.2.7.1. Besonderheiten bei der Pute

Die Putenköpfe werden in einer weiteren Aufhängung aufgenommen („Dreipunktaufhängung“) (FRIES 2001).

2.2.8. Eviszeration

Die Eröffnung der Körperhöhle erfolgt manuell oder halb- bzw. ganzautomatisch. Die Kloake wird dabei zirkulär umschnitten und der Schnitt dann ventral bis zum Brustbein verlängert. Die Organe werden mittels eines Ausnehmebügels aus der Körperhöhle entnommen. Das

Organkonvolut bleibt entweder in natürlichem Zusammenhang mit dem Tierkörper oder wird sofort abgetrennt und läuft auf separaten Haken oder Schalen weiter (FRIES 2001; BARBUT 2004).

2.2.9. Geflügelfleischuntersuchung

Nun erfolgt die Untersuchung des geschlachteten Geflügels nach Anhang I, Abschnitt IV, Kap. V der VO (EG) Nr. 854/2004. Oft ist ein Spiegel installiert, damit die Rückseite des Tierkörpers ohne Berührung betrachtet werden kann. In der Entwicklung sind Computersysteme, die mit Hilfe eines Referenzbildes bei der Beurteilung helfen sollen (BARBUT 2004).

2.2.10. Organbearbeitung

Nach der Untersuchung werden von dem Organkonvolut nach und nach die Organe in folgender Reihenfolge abgetrennt: Darm und Gallenblase, dann Leber, Herz und Lungen sowie Muskelmagen, Vormagen und Kropf. Der Muskelmagen wird eröffnet und die Hornschicht entfernt. Anschließend erfolgt die Kühlung der Innereien in Wasserkühlern mit Gegenstrom (FRIES 2001; BARBUT 2004).

2.2.11. Weitere Arbeitsschritte

Nun erfolgt eine Nachsäuberung der Tierkörper. Verbliebene Organteile (besonders Lunge) werden mit einem „Vakuumsauger“ entfernt, und die Halswirbelsäule wird aus der Halshaut entfernt (Halsentferner) sowie Hautreste abgeschnitten. Vor der Kühlung durchlaufen die Karkassen einen „Innen-Außen-Wäscher“, bei dem Düsen das Innere reinigen und die Tierkörper außen abgesprüht werden. Viele Variationen dieser Duschen finden sich an unterschiedlichen Stellen der Prozesslinie (FRIES 2001; BARBUT 2004).

2.2.12. Kühlung

Nun erfolgt das schnelle Abkühlen der Karkassen auf eine Innentemperatur von maximal 4 °C nach Anhang III, Abschnitt II, Kap. IV, Nr. 8 der VO (EG) 853/2004, um mikrobielles Wachstum zu minimieren. Hierfür gibt es drei Möglichkeiten (FRIES 2001; BARBUT 2004): Das **Tauchkühlen** geschieht in Kühltanks, die mit kaltem Wasser und Eisstücken gefüllt sind. Die mittels eines Schneckenvortriebs angetriebenen Tierkörper durchlaufen die

Wasserbecken. Der Wasserdurchsatz pro Tier in Abhängigkeit vom Körpergewicht ist festgelegt. Das Gegenstromverfahren, bei dem die Tierkörper entgegen der Fließrichtung des kalten, sauberen Wassers bewegt werden, oder hintereinander geschaltete Wassertanks (Vor- und Hauptkühler) kühlen effizienter und verbessern die Hygiene im Vergleich zu einem einzelnen Wassertank, indem Tierkörper und Wasserstrom in dieselbe Richtung geführt werden. Die Karkassen sind direkt im Anschluss zu gefrieren oder tiefzugefrieren. Bei der **Luftkühlung** werden die Tierkörper hängend durch kalte Luft gezogen. Durch Erhöhen der Luftfeuchtigkeit und/oder dem Anfeuchten des Tierkörpers wird einem Austrocknen der Oberfläche und Gewichtsverlust vorgebeugt. Die dritte Möglichkeit ist die **Luft-Sprühkühlung**. Hierbei werden die Karkassen hängend durch kalte Luft transportiert und mit kaltem Wasser besprüht. Die Tierkörper nehmen hierbei weniger Wasser als beim Tauchkühlen, aber mehr als bei der Luftkühlung auf.

2.2.12.1. Besonderheiten bei der Pute

Putenkarkassen werden auf hohe, senkrecht hängende Stangen gesteckt und über Nacht luftgekühlt (FRIES 2001).

2.2.13. Zerlegung, Verarbeitung und Vermarktung

Nach der Kühlung werden die Karkassen abgepackt und frisch oder gefroren vermarktet oder zerlegt (FRIES 2001), beispielsweise für Großkunden (Großküchen, Restaurantketten), die gezielt bestimmte Teile (Flügel, Keule) abnehmen (BARBUT 2004).

2.2.13.1. Besonderheiten bei der Pute

Nach der Kühlung erfolgt die manuelle Zerlegung der Puten (FRIES 2001). Dabei werden folgende Geflügelteile unterschieden: Ober- und Unterkeule, Flügel, Brust mit Haut und Knochen, Hals und Rücken, Brustfilet ohne Knochen sowie Innereien (Herz, Leber, Magen). Putenfleisch wird hauptsächlich frisch vermarktet oder zu Geflügelfleischerzeugnissen verarbeitet (FELDHAUS und SIEVERDING 2001).

2.3. Mikrobiologische Daten zur Fleischgewinnungslinie

2.3.1. (Kreuz-) Kontaminationsquellen während der Gewinnung von Geflügelfleisch

Die Liste möglicher Kontaminationsquellen ist lang. So können Pathogene durch Kontakt mit Fäzes während der Aufzucht, des Einfangens, des Transportes und des Haltens auf die Körperoberfläche des Geflügels gelangen. Auch der Kontakt mit anderen Quellen wie Transportkäfigen, Brühwasser, Rupffingern, Kühlwasser, Geräten zum Ausweiden, Händen des Personals oder Verpackungsmaterial kann zur Kreuzkontamination führen (CLOUSER et al. 1995).

Auch CASON et al. (2000) nennen Möglichkeiten, wie Bakterien, die in Ganzkörperspülproben fertig geschlachteter Broiler vorkamen, dort hingelangen konnten (Kontakt mit der Haut vor Eintritt in den Schlachtprozess, Federn, Darmtrakt, Ausrüstungsgegenständen, Händen der Arbeiter oder mit kontaminiertem Brühwasser in den Federn).

2.3.2. Aerobe Keimzahl

Als Hauptkontaminationsquelle bezeichnen SALVAT et al. (1995) den Brühtank, da die hohe Verschmutzung des Brühwassers die Belastung der Federn erhöht. Als Beweis führen die Autoren an, dass die Keimzahl nach dem Rupfen um eine Zehnerpotenz niedriger ist als vorher. Mögliche Ursache für die guten Ergebnisse nach der Eviszeration vermuten sie im geringen Automatisierungsgrad, da in drei der vier untersuchten Putenschlachtbetriebe das Ausweiden noch manuell erfolgte.

GEORNARAS et al. (1997) zeigten dagegen, dass die Keimzahl nach dem Brühen des Geflügels signifikant abgenommen hatte und nach dem Rupfen signifikant gestiegen war. Die Brühtemperatur lag bei 53,2 - 55,5 °C und einem pH von 7,0 - 7,6. Zum Einsatz kam eine Einzelrupfmaschine.

In den Tabellen 2-2 bis 2-4 sind Angaben zur Höhe der Keimzahl während der Fleischgewinnung aufgeführt.

Tab. 2-2: aerobe Keimzahl während der Fleischgewinnung

Probenahmestelle [Angabe der Keimzahl in log ₁₀ /cm ²]					Tierart	Probenmaterial	Quelle
vor dem Brühen	nach dem Brühen	nach dem Rupfen	vor der Kühlung	nach der Kühlung			
5,79 * ¹ 5,94 * ^{2,3} 3,9 * ^{2,4}		4,7 * ¹ 4,44 * ^{2,3} 3,92 * ^{2,4}		3,94 * ¹ 4,4 * ^{2,3} 3,71 * ^{2,4}	Puten	Haut des Brustbereiches	CLOUSER et al. (1995)
				4,29 * ⁵	Huhn	komplette Karkasse	HOLDER et al. (1997)

*¹ = konventionell; *² = Dampfsprühen; *³ = Durchgang 1; *⁴ = Durchgänge 2 und 3

*⁵ = in Zerlegung

Tab. 2-3: aerobe Keimzahl während der Fleischgewinnung

Probenahmestelle [Angabe der Keimzahl in log ₁₀ CFU/g]					Tierart	Probenmaterial	Quelle
vor dem Brühen	nach dem Brühen	nach dem Rupfen	vor der Kühlung	nach der Kühlung			
5,2	4,7	4,6	4,9 * ¹ ; 4,4 * ²	3,6	Pute	Halshaut	MEAD et al. (1993)
8,3					Broiler	Brusthaut	KOTULA und PANDYA (1995)
	5,85	4,97	4,93 * ³	5,27	Puten	Halshaut	SALVAT et al. (1995)

*¹ = nach Eviszeration; *² = nach Waschen

*³ = nach Eviszeration und Waschen

Tab. 2-4: aerobe Keimzahl während der Fleischgewinnung

Probenahmestelle [Angabe der Keimzahl in]					Tierart	Probenmaterial	Quelle
vor dem Brühen	nach dem Brühen	nach dem Rupfen	vor der Kühlung	nach der Kühlung			
		7,77 * ^{1,2} 7,72 * ^{1,3}			Broiler	Karkassenspülflüssigkeit	CASON et al. (1999)
			4,62 log ₁₀ /ml		Broiler	Spülflüssigkeit * ⁴	BAILEY et al. (2000)

*¹ = log₁₀ MPN/ Karkasse; *² = Gegenstrom; *³ = konventionell

*⁴ = halbe Karkasse

2.3.3. Salmonella

Die Belastung der Mastherden mit Salmonellen ist im Folgenden zusammengestellt. Auch hier zeigt sich, dass der Anteil betroffener Herden unterschiedlich hoch ist (Tab. 2-5).

Tab. 2-5: Herdenbelastung mit *Salmonella*

Salmonella-positive Herden	Tierart	Probenmaterial	Quelle
16 von 24 Herden (66,7 %)	Puten	Fäzes	HAFEZ et al. (1995)
35 %	Broiler (Mastherde)	Schlepptupfer- bzw. Sammelkotproben	PLESS und KÖFER (1998)
22,3 % 24,3 % 74,3 %	Broiler	Sammelkotproben mittels Mullgaze Kloakentupfer Halshaut	WICHMANN- SCHAUER et al. (2001)
Salmonella-positive Proben (aus den Geflügelherden)	Tierart	Probenmaterial	Quelle
100 % (Mästerei 1) 90 % (Mästereien 2, 3) 60 % (Mästerei 4)	Broiler	am Schlachtbetrieb nach Entblutung der Tierkörper entnommen, Federn und Haut verschiedener Körperregionen untersucht	KOTULA und PANDYA (1995)

2.3.3.1. Kontaminationswege vor der Schlachtung

HOOVER et al. (1997) haben unterschiedlichste Kontaminationswege während der Putenmast aufgezeigt und zwar von der Brüterei (Transportboxen) über das angelieferte Futter bis zur Verteilung in der Mästerei (positive Proben aus Tränken, von der Einstreu und Luft sowie positive Zäkumproben).

TRAMPEL et al. (2000) vermuten für unterschiedliche Salmonellenfunde in zwei Putenschlachtbetrieben eine unterschiedliche Ausgangsbelastung der angelieferten Tiere und nennen als mögliche Ursache die kontaminierte Einstreuoberfläche und die damit verbundene Kontamination von Ständern und Federn.

Bei einer Putenherde, in der während der Mast keine Salmonellen nachgewiesen werden konnten, wurde nach dem Transport zum Schlachtbetrieb *S. Saintpaul* isoliert (HAFEZ et al. 1995).

2.3.3.2. Kontaminationswege während des Schlachtprozesses

MULDER et al. (1978) führten eine experimentelle äußere (Eintauchen der Tierkörper in Flüssigkultur) und innere (Injektion der Flüssigkultur in die Kloake) Kontamination von Broilern mit einem markierten *E. coli*-Stamm durch. Sie zeigten, dass eine äußere Kontamination zur Kreuzkontamination während des Brühens und besonders des Rupfens führt. Das Brühen führte zu einer Reduktion der Belastung, was sowohl durch eine hohe Brühtemperatur als auch durch Wascheffekte bedingt war. Bei geringerer Brühtemperatur war die Ausbreitung größer als bei höheren Temperaturen. Im Brühwasser selbst konnten keine Markerorganismen isoliert werden. Dass auch der weitere Prozess wichtig für die Belastung ist, zeigten wenige positive Karkassen nach einer Sprühreinigung und Luftkühlung (im Vergleich zur Tauchkühlung ohne vorherige Sprühreinigung). Dies könnte nach Meinung der Autoren mit schädigenden Effekten durch niedrige Temperaturen und einer leicht abtrocknenden Hautoberfläche zusammenhängen. Die innere Kontamination führte zu keiner Verbreitung während des Brühens und während des Rupfens zu einer sehr geringen Kreuzkontamination verglichen mit der bei der äußeren Kontamination.

In einer Studie von HAFEZ et al. (1995) konnte gezeigt werden, dass alle während der Aufzucht negativ auf *Salmonella* getesteten Putenherden (7 Herden) nach der Eviszierung positiv waren. Das ebenfalls in dieser Studie untersuchte Brühwasser zeigte 4 mal ein positives Ergebnis, wobei die Belastung während des Produktionstages zunahm (von 0 % zu Beginn bis 30 % am Ende).

SALVAT et al. (1995) bemerkten eine Korrelation zwischen der Salmonellenbelastung lebender Puten (42 %) und der von Karkassen nach dem Brühen (40 %) und Rupfen (66 %). Für diesen Anstieg vermuten sie die bessere Adhäsion der Bakterien auf den Karkassen nach Einwirkung der Rupffinger.

CAMPBELL et al. (1984) konnten zeigen, dass die Rupfmaschine ein kritischer Punkt der Schlachtlinie (Putenschlachtung) ist. Hier isolierten sie mehrfach vor Schlachtbeginn Salmonellen und im Vergleich mit anderen Einrichtungsgegenständen auch am häufigsten. In diesem Zusammenhang wiesen sie auf die komplexe Konstruktion des Gerätes und die damit verbundenen Probleme einer adäquaten Reinigung aller Rupffinger hin.

Die hohe Isolierungsrate von Salmonellen auf frisch eviszerierten Putenkarkassen brachten HAFEZ et al. (1995) mit dem mechanischen Rupfen in Verbindung, da dieses eventuell Darminhalt herauspresst und somit die Haut kontaminiert.

Die Eviszeration sorgte für einen Wechsel in der Salmonellenbelastung der Puten, da sich die Serovaren, die nach diesem Arbeitsschritt isoliert worden waren, meistens von denen unterschieden, die nach dem Rupfen nachgewiesen worden waren (SALVAT et al. 1995).

TRAMPEL et al. (2000) konnten verschiedene *Salmonella*-Serovaren auf unterschiedlichen Ausrüstungsgegenständen (Rupffinger, Metalltisch) bzw. im Eingeweide-Wasser und am gleichen Tag geschlachteten Putenkarkassen nachweisen. Sie konnten Salmonellen auch im Brühwasser sowie im Vorkühl- und Kühlwasser des einen der beiden untersuchten Betriebe isolieren. Dass dieser Nachweis nicht in beiden Betrieben gelang, führen sie auf eine unterschiedlich starke Kontamination der angelieferten Tiere zurück. Dagegen scheint die fäkale Ausscheidung von Salmonellen direkt vor der Schlachtung kaum Einfluss auf den Nachweis aus Tierkörperspülungen am Ende des Produktionsablaufs zu haben (TRAMPEL et al. 2000).

In Tabelle 2-6 sind Angaben zum Vorkommen von Salmonellen während der Fleischgewinnung zusammengestellt.

Tab. 2-6: Vorkommen von *Salmonella* im Verlauf der Fleischgewinnung

Probenahmestelle [Anteil positiver <i>Salmonella</i> -Proben in %]					Tierart	Probenmaterial	Quelle
vor dem Brühen	nach dem Brühen	nach dem Rupfen	vor der Kühlung	nach der Kühlung			
			0,9 * ^{1,3} 6,3 * ^{2,3}		Puten	Ganzkörperspülproben	CAMPBELL et al. (1984)
			36,0; 39,6; 50,0 * ^{3,4}	40,0	Puten	Tupferproben der Hautoberfläche	HAFEZ et al. (1995)
45					Broiler	Haut aus dem Brustbereich	KOTULA und PANDYA (1995)
42 * ⁵	40	61	19 * ⁶	41 * ⁷	Puten	Halshaut	SALVAT et al. (1995)
				25,3 * ⁸	Geflügel	frische Fleischproben * ⁹	ATANASSOVA et al. (1998)
				0-13 / 0-6 * ¹⁰ 60-100 * ¹¹	Broiler	Spülproben/ Brust- u. Bauchhaut	PLESS und KÖFER (1998)
				36,5	Geflügel	Geflügelprodukte für den Einzelhandel	UYTTENDAELE et al. (1999)
		36 von 48 Proben (75 %)			Broiler	Ganzkörperspülproben	CASON et al. (2000)
				36,3 * ¹² 1,1 * ¹³	Puten	Ganzkörperspülproben	TRAMPEL et al. (2000)

Probenahmestelle [Anteil positiver <i>Salmonella</i> -Proben in %]					Tierart	Probenmaterial	Quelle
vor dem Brühen	nach dem Brühen	nach dem Rupfen	vor der Kühlung	nach der Kühlung			
74,3 % (Probenahmestelle nicht genannt)					Broiler	Hautproben	WICHMANN-SCHAUER et al. (2001)

*¹ = unter *Salmonella*-freier Umgebung aufgewachsen; *² = Kontrolltiere

*³ = nach Eviszeration

*⁴ = drei Probenahmezeitpunkte

*⁵ = Kotproben; *⁶ = nach Eviszeration und Waschen; *⁷ = Tiere anderer Herkunft

*⁸ = nach dem Schlachtbetrieb; *⁹ = Brust-, Ober- und Unterschenkelmuskulatur; Haut

*¹⁰ = *Salmonella*-negative Mastherden; *¹¹ = Mastherden *Salmonella*-positiv

*¹² = Betrieb 1; *¹³ = Betrieb 2

2.3.4. Campylobacter

Die Belastung von Mastherden ist in Tabelle 2-7 zusammengestellt. Die Anteile positiver Herden / Proben schwankte je nach Autor.

Tab. 2-7: Herdenbelastung mit *Campylobacter*

<i>Campylobacter</i>-positive Herden	Tierart	Probenmaterial	Quelle
100 %	Puten	Fäzes	HAFEZ et al. (1995)
87,6 %	Broiler	Fäzes	STERN et al. (2001)
<i>Campylobacter</i>-positive Proben (aus den Geflügelherden)	Tierart	Probenmaterial	Quelle
100 % (Mästereien 1-3) 80 % (Mästerei 4)	Broiler	am Schlachtbetrieb nach Entblutung der Tierkörper entnommen, Federn und Haut verschiedener Körperregionen untersucht	KOTULA und PANDYA (1995)
41,4 %	Geflügel (Broiler)	vor Schlachtung: Abstrichprobe nach Tötung: Zäkum- und Leberprobe	ATANASSOVA und RING (1999)

2.3.4.1. Kontaminationswege vor der Schlachtung

Schon in der Aufzucht sind nicht nur die Broiler, sondern z.T. auch ihre Umgebung (innerhalb des Stalles: z.B. Einstreu, Tränken, Futter, Ventilatoren, Wände, Mäuse, Insekten; außerhalb des Stalles: z.B. Wildvögel, Haustiere, stehendes Wasser) mit *Campylobacter* belastet.

STERN et al. (2001) fanden in 21,4 % der Fälle positive Umgebungsproben vor Infektion der Herde. Bei der Mehrzahl fanden sie keine Hinweise auf eine Kontamination der Umgebung. Erst mit der Ausscheidung von *Campylobacter* durch das Geflügel stellten sich dann positive Umgebungsproben ein.

Außerdem zeigten STERN et al. (2001), dass die Transportkäfige schon bei der Ankunft auf den Broilermastbetrieben zwischen 6,2 % und 30,0 % mit *Campylobacter* belastet waren. Nach dem Transport hatte sich die Nachweisrate auf 42,5 % bis 85,0 % erhöht. Auch

Tab. 2-8: Vorkommen von *Campylobacter* im Verlauf der Fleischgewinnung

Probenahmestelle [Anteil positiver <i>Campylobacter</i> -Proben in %]					Tierart	Probenmaterial	Quelle
vor dem Brühen	nach dem Brühen	nach dem Rupfen	vor der Kühlung	nach der Kühlung			
23,33 / 3,3 * ¹	5,7 / 5,6 * ²	66,7 / 94,4 * ³	61,1 / 27,8 * ⁴ ; 36,7 / 10,0	0 / 0	Puten	Halshaut; Betrieb 1/ Betrieb 2	YUSUFU et al. (1983)
			54,0; 59,3; 60 * ⁵	43,7	Puten	Tupferproben der Hautoberfläche	HAFEZ et al. (1995)
62,5					Broiler	Haut aus dem Brustbereich	KOTULA und PANDYA (1995)
100					Geflügel	Halshaut	MEAD et al. (1995)
				27,9 * ⁶	Geflügel	frische Fleisch- proben * ⁷	ATANASSOVA et al. (1998)
45,9 (Entnahmestelle nicht angegeben)					Broiler	Haut, Leber, Hals	ATANASSOVA und RING (1999)
				28,5 (<i>C. jejuni</i> , <i>C. coli</i>)	Broiler, Perlhühner, Puten	Geflügelprodukte für den Einzelhandel	UYTTENDAELE et al. (1999)
	0,8	79			Broiler	Schwammprobe der Brust	BERRANG et al. (2001)

Probenahmestelle [Anteil positiver <i>Campylobacter</i> -Proben in %]					Tierart	Probenmaterial	Quelle
vor dem Brühen	nach dem Brühen	nach dem Rupfen	vor der Kühlung	nach der Kühlung			
				21,0 – 40,9	Broiler	Karkassenspülflüssigkeit	STERN et al. (2001)
				82 (aus dem Einzelhandel)	Broiler	Karkassenspülflüssigkeit	DICKINS et al. (2002)

*¹ = Federn; *² = Brühwasserüberlauf; *³ = Tropfwasser der Rupfer; *⁴ = Karkassenwaschwasser

*⁵ = drei Probenahmezeitpunkte; nach Eviszeration

*⁶ = nach dem Schlachtbetrieb; *⁷ = Brust-, Ober- u. Unterschenkelmuskulatur; Haut

Tab. 2-9: Vorkommen von *Campylobacter* im Verlauf der Fleischgewinnung

Probenahmestelle [Anteil positiver <i>Campylobacter</i> -Proben in log ₁₀ <i>C. jejuni</i> /1000cm ²]					Tierart	Probenmaterial	Quelle
vor dem Brühen	nach dem Brühen	nach dem Rupfen	vor der Kühlung	nach der Kühlung			
3,74 (Betrieb 1)	<1,26 (Betrieb 1)	2,37 (Betrieb 1)	1,71 (Betrieb 1)	1,43 (Betrieb 1)	Broiler	Tupferprobe von Brust- und Oberschenkelhaut	IZAT et al. (1988)
3,56 (Betrieb 2)	1,26 (Betrieb 2)	3,68 (Betrieb 2)	2,39 (Betrieb 2)	1,85 (Betrieb 2)			
3,03 (Betrieb 3)	1,19 (Betrieb 3)	2,82 (Betrieb 3)	3,04 (Betrieb 3)	1,18 (Betrieb 3)			

LIENAU et al. (2003) weisen auf eine mangelhafte Reinigung der Transportkisten hin, da sich die Nachweisrate durch die Reinigung kaum verringerte.

2.3.4.2. Kontaminationswege während des Schlachtprozesses

Eine Kontaminationsquelle scheint das Rupfen zu sein, da hiernach ein signifikanter Anstieg der *Campylobacter*belastung der Broiler beobachtet wurde. Auch aus Kühlwasser und von Einrichtungsgegenständen konnte *Campylobacter* isoliert werden (IZAT et al. 1988). Diese Autoren weisen besonders darauf hin, dass Geflügelhaut, im Gegensatz zur Haut anderer Tiere, während des Schlachtprozesses normalerweise nicht entfernt wird und somit die äußere Oberfläche des Vogels Kontakt mit Einrichtungsgegenständen, Händen der Arbeiter, Handschuhen und Messern hat und somit das Potential einer Kreuzkontamination gegeben ist. Im Brühwasser konnte *Campylobacter* nur in einer von 30 Proben nachgewiesen werden, so dass HAFEZ et al. (1995) darauf hinweisen, dass die hohen Brühtemperaturen möglicherweise zu der geringen Überlebensfähigkeit dieser Mikroorganismen beitragen.

STERN et al. (2001) konnten aus Brüh- und Kühlwasser manchmal *Campylobacter* isolieren. Die höchste Isolierungsrate von *Campylobacter* im Schlachtverlauf brachten HAFEZ et al. (1995), wie bereits unter Punkt 2.6.2 erwähnt, mit dem Rupfen in Zusammenhang. Auch andere Autoren fanden Hinweise, dass die Rupfer eine hohe Keimbelastung aufweisen (YUSUFU et al. 1983). Dass es während des Rupfens mehrere Quellen gibt, die zur Keimbelastung der Broilerkarkassen führen, zeigt eine Studie von BERRANG et al. (2000). Dort hatte die Belastung mit *Campylobacter* während des Rupfens zugenommen, obwohl den Tieren zu Beginn des Produktionsprozesses die Kloaken mit Baumwollstopfen verschlossen worden waren.

BERRANG et al. (2001) konnten zeigen, dass der Hauptgrund für den Anstieg der *Campylobacter*belastung der Brusthaut während des Rupfens durch das Entweichen von kontaminierten Fäzes aus der Kloake zustande kommt. Dazu verschlossen sie einem Teil natürlich kontaminierter Broiler die Kloake mittels Tampon und Naht und untersuchten Schwammproben der Brusthaut auf *Campylobacter*. Bei den „unbehandelten“ Kontrolltieren war der *Campylobacter*anstieg signifikant höher als bei den Tieren, deren Kloake verstopft und vernäht war (Kontrolltiere: 0,8 % vor dem Rupfen, 100 % nach dem Rupfen; verstopfte und vernähte Kloaken: 0 % vor dem Rupfen, 11 % nach dem Rupfen). Dass es sich hierbei jedoch nicht um die einzige Kontaminationsquelle beim Rupfen handelt, hatten sie bereits ein Jahr vorher gezeigt (BERRANG et al. 2000).

Nach HAFEZ et al. (1995) weisen die Isolierung von mehreren Biotypen, die während der Aufzuchtperiode nicht existierten, auf weitere Kreuzkontaminationen während des Schlachtverlaufes hin.

In den Tabellen 2-8 und 2-9 finden sich Angaben zum Vorkommen und zur Höhe von *Campylobacter* während der Fleischgewinnung (siehe S. 21).

2.4. Die Zoonoseerreger

2.4.1. Genus Salmonella

Zum Genus *Salmonella* gehören gramnegative, gerade Stäbchen, die 0,7-1,5 x 2,0-5,0 μm groß sind und von denen die meisten beweglich sind. Sie wachsen fakultativ anaerob bei einer optimalen Temperatur von 37 °C. Sie besitzen sowohl einen respiratorischen als auch fermentativen Stoffwechsel. Kohlenhydrate werden mit Säure- und normalerweise Gasproduktion katabolisiert. Weitere charakteristische Stoffwechselleistungen sind z.B. die Reduktion von Nitrat zu Nitrit, die Bildung von H₂S, der Abbau von Propylenglykol und die Nutzung von Citrat als alleiniger Kohlenstoffquelle. Auf Blutagar zeigen sie nie Hämolyse. Salmonellen treten in Mensch, warm- und kaltblütigen Tieren sowie in Lebensmitteln und der Umwelt auf. Pathogen sind sie für den Menschen und einige Tierspezies (LE MINOR 1994; SELBITZ 2002).

2.4.1.1. Taxonomie

Beim Genus *Salmonella* gibt es zwei Nomenklaturen, die parallel genutzt werden. Die Einteilung nach LE MINOR (1994) in Bergey's Manual of Determinative Bacteriology:

Familie: Enterobacteriaceae

Genus: *Salmonella*

Spezies: *Salmonella bongori* und *Salmonella choleraesuis*

Subspezies : *S. choleraesuis* subsp. *arizonae*, subsp. *choleraesuis*,
subsp. *diarizonae*, subsp. *houtenae*, subsp. *indica* und
subsp. *salamae*

Familie: Enterobacteriaceae

Genus: *Salmonella*

Spezies: *Salmonella bongori* und *Salmonella enterica*

Subspezies: siehe unten

Einteilung nach LeMinor und Popoff (SELBITZ 2002; TINDALL et al. 2005)

Diese von Le Minor und Popoff 1987 veröffentlichte Systematik fand weltweit breite Akzeptanz, so dass das den Regeln des „Bacteriological Code“ entsprechende System immer seltener benutzt wurde. Die Judicial Commission of the International Committee on the Systematics of Prokaryotes will mit ihrer Opinion 80 diese Diskrepanzen lösen und entschied, dass der Beiname „enterica“ in *Salmonella enterica* erhalten bleibt und „choleraesuis“ ersetzt. TINDALL et al. (2005) fassen die Folgen dieser Entscheidung zusammen und stellen die sich daraus ergebende Nomenklatur vor: Der Genus besteht aus zwei Spezies, *Salmonella bongori* und *Salmonella enterica*. *S. enterica* lässt sich in die folgenden 6 Subspezies unterteilen: *Salmonella enterica* subsp. *enterica*, subsp. *arizonae*, subsp. *diarizonae*, subsp. *houtenae*, subsp. *indica* und subsp. *salamae*.

Neu entdeckte Salmonellen wurden zuerst von White und dann von Kauffmann auf der Basis der O- (Lipopolysaccharide, hitzestabil) und H- (Proteine, formaldehydresistent) Antigene geordnet, heute bildet das Kauffmann-White-Schema die internationale Grundlage zur Ordnung der Salmonellen. Während früher Eigennamen an neue Serovare vergeben wurden, geschieht dies jetzt nur noch bei Serovaren von *Salmonella enterica* spp. *enterica*, z.B. *S. Typhimurium* = *S. enterica* spp. *enterica* ser. Typhimurium (TINDALL et al. 2005). Alle anderen werden mit ihrer Antigenformel angegeben (HAFEZ 1997; SELBITZ 2002).

2.4.1.2. Nachweismethodik

Nach § 35 LMBG L 00.00-20 (heute § 64 LFGB) erfolgt der Nachweis von Salmonellen über drei Anreicherungsmedien und zwei feste Selektivnährböden sowie eine biochemische und serologische Identifizierung. Nach DIN EN ISO 6579 sind 5 aufeinander folgende Untersuchungsschritte nötig: Voranreicherung, Anreicherung, Ausstreichen und Identifizieren sowie die Bestätigung.

2.4.1.2.1. Anzüchtung

Die Untersuchung auf Salmonellen beginnt mit der Einwaage des Untersuchungsmaterials von 25 g bzw. 25 ml nach § 35 LMBG L 00.00-20 und DIN EN ISO 6579. Es wird eine nicht selektive, flüssige Voranreicherung (gepuffertes Peptonwasser) zugegeben, die mit der Probe gründlich durchmischt wird (§ 35 LMBG L 00.00-20; SELBITZ 2002; DIN EN ISO 6579). Wenn eine andere Menge Probenmaterial verwandt wird, ist ein Verhältnis von 1/10 (Masse zu Volumen) einzuhalten (DIN EN ISO 6579).

Als zweiter Schritt erfolgt die selektive Anreicherung mit zwei verschiedenen Bouillons. § 35 LMBG L 00.00-20 nennt das RV-Medium (Magnesiumchlorid-Malachitgrün-Medium nach Rappaport-Vassiliadis) und das Selenit-Cystin-Nährmedium. Die DIN EN ISO 6579 schreibt die Rappaport-Vassiliadis-Bouillon mit Soja (RVS-Bouillon) und die MKTTn-Bouillon (Müller-Kauffmann Tetrathionat-Novobiocin-Bouillon) vor. SELBITZ (2002) bemerkt, dass die flüssigen Anreicherungsmedien auf der Basis von Tetrathionat oder Selenit beruhen, oder die Bouillon nach Rappaport-Vassiliadis verwendet wird.

Differenzialnährböden sind für die Isolierung notwendig, da sich Salmonellen i.d.R. nicht von den Kolonien anderer Enterobakterien unterscheiden lassen (SELBITZ 2002). Diese nutzen verschiedene Stoffwechselfparameter aus, z.B. das Unvermögen, Lactose zu spalten (Gassner-Agar), die Bildung von H₂S (XLT 4-Agar), den Abbau von Propylenglykol (Rambach-Agar) oder die Fermentation von Glucuronat (SMID-Agar), wodurch salmonellenverdächtige Kolonien erkennbar werden.

Jede Bouillon wird auf zwei selektiven Nährböden ausgestrichen. § 35 LMBG L 00.00-20 nennt den Brillantgrün-Phenolrot-Agar nach Edel und Kampelmacher und macht Vorschläge für den zweiten Nährboden, wie den Wismut-Sulfit-Agar, XLD-Agar, Wasserblau-Metachromgelb-Agar nach Gaßner u.a. Die DIN EN ISO 6579 gibt den XLD-Agar vor und stellt den zweiten Agar ebenfalls zur Wahl.

Die Bebrütungszeiten und -temperaturen sind in der folgenden Tabelle (Tab. 2-10) aufgeführt.

In einem Methodenvergleich konnten ATANASSOVA et al. (1998) ermitteln, dass Rappaport-Vassiliadis (RVS) mehr positive Ergebnisse erbrachte als die Selektivanreicherung mit Tetrathionat-Brillantgrün-Galle (TBG). Bei einem Vergleich mit Selenit- oder Tetrathionathaltigen Anreicherungen erbrachte RVS in 90 % der Fälle bessere Resultate. MÜLLER et al. (1997) erreichten mit der Selenit-Cystin-Bouillon die geringsten Salmonellennachweise, während sie mit der Tetrathionat-Brillantgrün-Galle Bouillon (TBG)

die höchste Nachweissicherheit erzielten. Die Nachweisrate der RV-Bouillon lag hier deutlich unterhalb der der TBG, wobei dies je nach untersuchtem Probenmaterial schwankte. Auch WICHMANN-SCHAUER et al. (2000) verglichen die Sensitivität von Tetrathionat-Brillantgrün-Galle-Anreicherungsbouillon (TBG) und Rappaport-Vassilidis-Anreicherungsbouillon (RV). TBG zeigte dabei eine höhere Sensitivität als RV.

Tab. 2-10: Mengen-, Zeit- und Temperaturangaben für *Salmonella*-Nährmedien

	Zugabe von	Bebrütungs- dauer [h]	Bebrütungs- temperatur [°C]
nach § 35 LMBG L 00.00-20 (1990):			
gepuffertes Peptonwasser	Probenmaterial	16 - 20	37
RV-Medium (10 ml)	0,1 ml beimpftes Pepton- wasser	mind. 18 ggf. 42-48	42
Selenit-Cystin-Medium (100 ml)	10 ml beimpftes Pepton- wasser	mind. 18 ggf. 42-48	37
Brillantgrün-Phenolrot- Agar + 2. Agar	Ausstrich mit Impföse	18 - 24	37
nach DIN EN ISO 6579 (2003):			
gepuffertes Peptonwasser	Probenmaterial	18 +/- 2	37 +/- 1
RVS-Bouillon (10 ml)	0,1 ml beimpftes Pepton- wasser	24 +/- 3	41,5 +/- 1
MKTTn-Bouillon (10 ml)	1 ml beimpftes Pepton- wasser	24 +/- 3	37 +/- 1
XLD-Agar + 2. Agar	Ausstrich mit Impföse	24 +/- 3	37 +/- 1

Bei einem Vergleich fester Selektivnährmedien (ATANASSOVA et al. 1998) erreichte der BPLS-Agar (Brillantgrün-Phenolrot-Lactose-Agar, modifiziert) eine Sensitivität zwischen 70 % und 80 % und der XLD-Agar ungefähr 87 %. Die höchste Nachweisrate erzielte der Rambach-Agar mit 97,6 %. Die schlechtesten Ergebnisse hatten MÜLLER et al. (1997) mit dem BPLS-Agar, während sie für den XLD-Agar eine Sensitivität von 97,3 % und für den Rambach-Agar von 99,6 % erzielten. Auch WICHMANN-SCHAUER et al. (2000) erzielten mit dem Rambach-Agar (96,4 %) eine höhere Sensitivität als mit dem XLD-Agar (91,5 %). Schon 1994 zeigte der Rambach-Agar in einer Untersuchung von WEBER und WACHOWITZ (1994) mit 94,4 % eine hohe Sensitivität und mit 99,87 % eine hohe

Spezifität. Im Vergleich dazu erzielten der Wasserblau-Metachromgelb-Laktose-Agar nach GASSNER mit 91,7 % und der Brillantgrün-Phenol-Laktose-Agar nach KAUFFMANN (BPL-Agar) mit 86,1 % eine geringere Sensitivität.

Es gibt Entwicklungen, den zeitaufwendigen Nachweis der amtlichen Methoden zu verkürzen. Mit dem MSR-V-Medium (modifiziertes halbfestes Rappaport-Vassiliadis Medium) kann bereits nach 40 Stunden eine Aussage über Salmonellenfreiheit getroffen werden, und es ließen sich damit z.T. häufiger Salmonellen nachweisen als mit der Referenzmethode (SCHALCH und EISGRUBER 1997).

WICHMANN-SCHAUER et al. (2000) weisen darauf hin, dass an zwei verschiedenen Selektivanreicherungen beim Salmonellennachweis festgehalten werden sollte, da auch bei ihrer besten Kombination aus TBG und Rambach-Agar die Sensitivität je nach Labor zwischen 79,7 % und 96,9 % lag und somit bei alleiniger Anwendung durchschnittlich 15 % falschnegative Ergebnisse zustande kämen.

2.4.1.2.2. Identifizierung

Biochemische Identifizierung

§ 35 LMBG L 00.00-20 schreibt hierfür die Beimpfung folgender Nährmedien bzw. die Durchführung folgender Reaktionen vor: Dreizucker-Eisen-Agar (TSI-Agar), Harnstoff-Agar nach Christensen, Lysin-Decarboxylase-Agar, Voges-Proskauer-Reaktion (Schnellverfahren nach Barry und Feeney) sowie die Indol-Reaktion. Die Nährböden werden für 24 h bei 37 °C bebrütet und bei den beiden letztgenannten Reaktion wird vor dem Ablesen noch ein entsprechendes Reagenz zugegeben. Die DIN EN ISO 6579 gibt für die genannten Methoden als Bebrütungszeit 24 +/- 3 h und eine Temperatur von 37 +/- 1 °C an. Außerdem schreibt sie noch den Nachweis von β -Galactosidase vor. Die biochemischen Reaktionen können auch mit Hilfe kommerzieller Testsysteme (Testkits) durchgeführt werden (HAFEZ 1997; DIN EN ISO 6579).

Serologische Identifizierung

Zuerst wird Koloniematerial mit physiologischer Kochsalzlösung verrieben und auf einem Objektträger vor einem dunklen Hintergrund bewegt, um selbstagglutinierende Stämme auszuschließen. Um auf O-Antigene zu testen, wird das Verfahren mit Anti-O-Serum anstelle der Kochsalzlösung wiederholt. Poly- und monovalente Seren sind dabei nacheinander zu benutzen. Die DIN EN ISO 6579 gibt zudem noch die Untersuchung auf Vi-Antigene vor. Dabei wird mit Anti-Vi-Serum anstatt der Kochsalzlösung gearbeitet. Bevor die H-Antigene

getestet werden, erfolgt eine Zwischenkultivierung auf halbfestem Nähragar. Zur endgültigen Bestätigung werden die *Salmonella*-verdächtigen Isolate an ein anerkanntes Referenzlaboratorium geschickt (§ 35 LMBG L 00.00-20, DIN EN ISO 6579).

2.4.1.3. *Salmonella*-Untersuchung mittels Puls-Feld-Gelelektrophorese

Für Bakterien ist die Restriktionsanalyse mit anschließender Durchführung der PFGE eine Standardmethode, um das gesamte Genom zu typisieren. So wird die PFGE bei den Typisierungsmethoden auch als gegenwärtiger „Goldstandard“ für Salmonellen bezeichnet (HARBOTTLE et al. 2006). Dabei wird häufig mit dem Restriktionsenzym *XbaI* gearbeitet (WEIGEL et al. 2001; WEIGEL et al. 2004; KUBOTA et al. 2005; HARBOTTLE et al. 2006). Weitere Restriktionsenzyme, die zur Analyse verwandt werden, sind z.B. *SpeI*, *AvrII* und *BlnI* (WEIGEL et al. 2001; WEIGEL et al. 2004; KUBOTA et al. 2005).

2.4.1.4. *Salmonella*-Infektionen beim Geflügel

2.4.1.4.1. Infektion mit *S. Gallinarum*

Diese Serovar ist eine ständige Bedrohung für Geflügelbestände. Es lassen sich zwei Biovare, *Gallinarum* und *Pullorum*, unterscheiden. Die Biovar *Pullorum* verursacht die weiße Kükenruhr bzw. *Pullorum*seuche, eine akute septikämische Infektion bei Küken mit z.T. sehr hoher Mortalität, schweren Allgemeinstörungen, Durchfall mit kalkweißem Kot und Atmemnot. Die Biovar *Gallinarum* verursacht den sog. Hühnertyphus bei älteren Hühnern, der sich durch schwere Hinfälligkeit und plötzlich auftretende Todesfälle (Gesamtmortalität bis über 80 %) auszeichnet (HAFEZ 1997; SELBITZ 2002; HOOP und HINZ 2005).

2.4.1.4.2. Infektion mit *S. Arizonae*

Die Infektion von Puten, Hühnern, Enten und weiteren Vogelarten mit *S. enterica* spp. *arizonae* kann zu Erkrankungen mit hohen Kükenverlusten führen. Dabei sind schwere Allgemeinstörungen mit blutiger Diarrhoe und respiratorischen Symptomen sowie zentralnervalen Störungen (Krämpfe, Beinschwäche, Lähmungen) zu beobachten, teilweise auch Konjunktivitis mit späterem Erblinden (HAFEZ 1997; SELBITZ 2002; HAFEZ und HINZ 2005).

2.4.1.4.3. Infektion mit nichtadaptierten Salmonellen

Verschiedene *Salmonella*-Serovaren (*S. Typhimurium*, *S. Enteritidis*, *S. Hadar*, *S. Virchow* u.a.) werden beim Geflügel nachgewiesen, die meistens nur latente Infektionen verursachen, jedoch als lebensmittelbedingte Infektions- und Intoxikationserreger eine Rolle spielen. Bei Puten steht die Serovar *S. Typhimurium* im Vordergrund. Die Empfänglichkeit der Tiere für Salmonellen ist in den ersten Lebenstagen am größten und nimmt dann ab. Nach oraler Infektion sind Salmonellen im Darm und in Organen wie Leber und Milz nachzuweisen. Diese systemische Infektion verläuft in i.d.R. klinisch inapparent. Die Salmonelleninfektion kann bei Küken zu gestörtem Allgemeinbefinden, vermehrten Verlusten und Entwicklungsstörungen sowie bei Legehennen zu verringerter Legeleistung führen (HAFEZ 1997; SELBITZ 2002; METHNER 2005).

Wichtig für die Ausbreitung von Salmonelleninfektionen ist zum einen die systemische Infektion des Geflügels mit monatelanger Persistenz und Weitergabe von *Salmonella* über das Brutei, der ständige Eintrag mit dem Futter, Nagetieren, Wildvögeln und Personen sowie der Aufbau der Geflügelwirtschaft mit seiner Konzentration von Beständen und dem weltweiten Austausch von Zuchttieren (SELBITZ 2002; METHNER 2005).

2.4.1.5. *Salmonella*-Infektionen beim Menschen

Man unterscheidet zwischen Typhus und Paratyphus sowie den Salmonellenenteritiden. Meldepflichtig sind alle *Salmonella*-Erkrankungen in Deutschland (§ 7 IfSG).

Der Mensch stellt für ***S. Typhi*** und ***S. Paratyphi*** das wichtigste Erregerreservoir dar. Zur Verbreitung trägt auch der internationale Reiseverkehr bei. Die Erreger werden hauptsächlich durch kontaminierte Lebensmittel und Wasser übertragen. Im Anfangsstadium zeigen sich fieberhafte Allgemeinstörungen (grippeähnlich), wohingegen Durchfälle selten auftreten. Zuerst gelingt der Nachweis in der Generalisationsphase aus Blutkulturen, später auch aus dem Stuhl (SELBITZ 2002).

Die **Salmonellenenteritiden** oder **Enteritis-Salmonellose** gehören zum Komplex der infektiösen Gastroenteritis. Hier kommen hauptsächlich nicht wirtsadaptierte Serovaren wie z.B. *S. Typhimurium* und *S. Enteritidis* vor. Angepasste Erreger wie *S. Choleraesuis* und *S. Dublin* verursachen zwar nur selten Erkrankungen, dann aber durchaus schwere mit letalen Folgen. Die Infektion erfolgt fast ausschließlich oral über kontaminierte Lebensmittel. Dabei liegt das Hauptrisiko bei rohem bzw. nicht ausreichend erhitztem Fleisch, besonders Geflügelfleisch und Eiern bzw. eihaltigen Lebensmitteln. Nach einer kurzen Inkubationszeit

treten wässrige Durchfälle, Leibschmerzen, Fieber, Übelkeit, Erbrechen und Kopfschmerzen auf. Systemische, typhöse Verläufe und extraintestinale Manifestationen sind selten. Da die Infektionsdosis eines gesunden Erwachsenen bei 10^5 bis 10^6 Salmonellen liegt, ist die Vermehrung und Anreicherung des Erregers im Lebensmittel notwendig. Die Infektionsdosis für junge, alte oder immunsupprimierte Menschen kann aber auch deutlich geringer sein (SELBITZ 2002).

2.4.2. Genus *Campylobacter*

Bei den Bakterien der Gattung *Campylobacter* handelt es sich um gramnegative, sporenlose, schlanke, gebogene Stäbchen, die $0,2 - 0,5 \mu\text{m}$ breit und $0,5 - 5 \mu\text{m}$ lang sind. Sie haben eine oder mehrere helikale Drehungen oder erscheinen S-förmig. In älteren Kulturen können kokkoide Formen auftreten. Die Zellen bewegen sich mit einer charakteristischen korkenzieherartigen Bewegung, die sie durch eine uni- oder bipolare, monotriche Begeißelung erreichen. Das Temperaturoptimum liegt zwischen 30°C und 42°C . Die Erreger benötigen eine mikroaerophile Atmosphäre zum Wachsen mit einer Sauerstoffkonzentration zwischen 3 % und 15 % und einer Kohlendioxidkonzentration von 3 - 5 %. Sie sind Oxidase positiv, die Katalasereaktion fällt unterschiedlich aus (SMIBERT 1994; SELBITZ 2002; GLÜNDER und HINZ 2005).

2.4.2.1. Taxonomie

Die Taxonomie des Genus *Campylobacter* ist besonders im letzten Jahrzehnt stark überarbeitet worden, zur Zeit sind 16 Spezies und 6 Subspezies bekannt (WIELER und LATURNUS 2003). Die meisten *Campylobacter* und „*Campylobacter*-ähnlichen“ Organismen werden der rRNA Superfamilie VI zugeschrieben, die die Genera *Helicobacter* und *Spirillum*, die Familie *Campylobacteraceae* (gebildet von den beiden Gattungen *Campylobacter* und *Arcobacter*) und eine Reihe weiterer Taxa umfassen (ON 1996; SELBITZ 2002):

Familie *Campylobacteraceae*

Gattung *Campylobacter*

Spezies *C. jejuni* spp. *jejuni*, *C. coli*, *C. lari*, *C. upsaliensis* u.a.

ON (1996) weist auf die Schwierigkeit einer korrekten Identifizierung dieser anspruchsvollen Organismen hin, die oberflächlich betrachtet ähnlich sind bezüglich zellulärer und kultureller Morphologie sowie ihrer Wachstumsbedingungen. Das diskriminatorische Potential

phänotypischer Methoden ist bei *Campylobacter* begrenzt, und Falschidentifizierungen sind möglich (ON 1996; WIELER und LATURNUS 2003). Der taxonomische Fluss macht die Erstellung von Identifizierungsschemata, die alle beschriebenen Gruppen berücksichtigen, schwierig (ON 1996).

2.4.2.2. Nachweismethodik

2.4.2.2.1. Anzüchtung

Zum Nachweis von *Campylobacter* kommen u.a. Geflügelfleisch, Milch, andere Lebensmittel- und Organproben als Untersuchungsmaterial in Frage (SELBITZ 2002).

Der konventionell mikrobiologische Nachweis von *Campylobacter* spp. erfolgt nach SELBITZ (2002) hauptsächlich auf bluthaltigen Nährböden mit Antibiotikazusatz (u.a. Supplemente nach Skirrow, Butzler, Blaser und Wang, Preston). Als blutfreie Selektivmedien kommen z.B. Karmali oder CCDA (Cefoperazon-Charcoal-Deoxycholat-Agar) in Frage.

ATANASSOVA et al. (1998) verglichen verschiedene kulturelle Nachweismethoden miteinander. Dabei stellten sie fest, dass die Anreicherung mit *Campylobacter*-Selektiv-Supplement (Preston) und *Campylobacter*-Selektivagar nach Skirrow sowie einer einheitlichen Bebrütungstemperatur von 42 °C mit 62 % die niedrigste Nachweisrate aufwies. Die zweite Methode erreichte eine Nachweisrate von 71 % mit einer Voranreicherung (Preston Selektiv-Supplement und *Campylobacter*-Anreicherungs-Supplement, Bebrütungstemperatur bei 37 °C und 42 °C) und anschließender Überimpfung auf SKIRROW- und PRESTON-Agar (Bebrütungstemperatur 42 °C). Am erfolgreichsten stellte sich die Kombination von PRESTON-Selektiv-Anreicherungsbouillon und CCDA-Selektivnährboden (Bebrütungstemperaturen jeweils bei 37 °C und 42 °C) dar (78 %ige Nachweisrate).

Zur Bebrütung ist eine mikroaerophile Atmosphäre (3 - 15 % Sauerstoff) erforderlich, die 1 bis 3 Tage dauert und bei 42 °C erfolgen sollte (SELBITZ 2002). GLÜNDER und HINZ (2005) empfehlen folgende Anzüchtungsbedingungen: mikroaerobes Milieu (5 % O₂, 10 % CO₂ und 85 % N₂) für 48 - 96 Stunden bei 37 °C - 42 °C.

2.4.2.3. Identifizierung

Die Zuordnung zum Genus *Campylobacter* erfolgt anhand der Koloniemorphologie, dem mikroskopischen Bild, der Beweglichkeit sowie der positiven Oxdasereaktion (SELBITZ 2002).

2.4.2.4. Speziesdifferenzierung

Zur Differenzierung der unterschiedlichen thermotoleranten *Campylobacter*-Spezies werden nach der DIN-ISO DIS 10272 (1994) folgende Reaktionen durchgeführt: Katalase, H₂S-Bildung im TSI-Agar, Hippurat-Hydrolyse und das Resistenzverhalten gegenüber Nalidixinsäure (30 µg) und Cephalothin (30 µg) sowie das Wachstum bei 25 °C.

Bei der Beurteilung dieser Reaktionen findet man in verschiedenen Quellen unterschiedliche Angaben. So gibt SMIBERT (1994) bei *C. coli* eine positive, die DIN-Norm (1994) eine schwach positive H₂S-Bildung an, während VANDAMME und GOOSSENS (1992) ein negatives Ergebnis nennen. Außerdem gibt SMIBERT (1994) bei der Cephalothinresistenz ein d (11 % - 89 % der Stämme sind positiv) an. Bei *C. upsaliensis* gibt es Unterschiede in der Katalaseaktivität. Während die oben genannte DIN-Norm (DIN-ISO DIS 10272, 1994) eine negative oder schwach negative Reaktion nennt, gibt SMIBERT (1994) W oder negativ an und VANDAMME und GOOSSENS (1992) eine schwach positive Reaktion.

Tab. 2-11: Identifizierung der *Campylobacter*-Spezies *C. jejuni*, *C. coli*, *C. lari* und *C. upsaliensis* (DIN-ISO DIS 10272, 1994)

Merkmal	<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>	<i>C. lari</i>	<i>C. upsaliensis</i>
Wachstum bei 25 °C	-	-	-	-
H ₂ S-Bildung (TSI)	-	(+)	-	-
Resistenz: Na	S	S	R	S
Kf	R	R	R	S
Hippurat-Hydrolyse	+	-	-	-
Katalase	+	+	+	- oder (-)

Zur Speziesdiagnose gibt es auch kommerzielle Testsysteme, z.B. API Campy (SELBITZ 2002).

ON (1996) weist auf Schwachstellen dieser Identifizierungsschemata hin (z.B. keine Berücksichtigung atypischer oder mutierter Stämme wie beispielsweise Hippurat-negative *C. jejuni* subsp. *jejuni*).

Tab. 2-12: Beispiel einer Wahrscheinlichkeitsidentifizierungsmatrix (ON 1996)

	% der Stämme, die positiv reagieren					
	Oxidase	Katalase	Hippurat-Hydrolyse	H ₂ S/TSI	resistent gegen Nalidixinsäure	Cephalothin
<i>C. jejuni subsp. jejuni</i>	99	99	99	01	01	95
<i>C. coli</i>	99	99	01	01	01	99
<i>C. lari</i>	99	99	01	01	29	99
<i>C. upsaliensis</i>	99	01	01	01	01	11

Aus diesen Gründen wird die PCR sowohl zur Genusbestimmung als auch zur Speziesdifferenzierung eingesetzt (DICKINS et al. 2002).

2.4.2.5. *Campylobacter*untersuchung mittels Puls-Feld-Gelelektrophorese

Zu den genotypischen Typisierungsmethoden gehört u.a. die Makrorestriktionsanalyse des gesamten Genoms mittels Endonucleasen und anschließender Pulsfeldgelelektrophorese (PFGE). Sie besitzt ein hohes diskriminatorisches Potential und wird häufig eingesetzt. Die Verwendung der Restriktionsendonukleasen *Sma*I, *Sal*I, *Kpn*I und *Xho*I scheint nach WIELER und LATURNUS (2003) am erfolgreichsten zu sein. Auch andere Autoren setzen gerne die Endonukleasen *Sma*I und *Kpn*I ein (BROMAN et al. 2002; DICKINS et al. 2002). Einen Überblick gibt Tabelle 2-13. Stämme, die DNase freisetzen, behindern manchmal die Analyse der jeweiligen Stämme (WIELER und LATURNUS 2003).

Tab. 2-13: Restriktionsendonukleasen, die zur Makrorestriktionsanalyse des gesamten Genoms genutzt werden (WIELER und LATURNUS 2003, Auszug)

<i>Campylobacter</i> spp.	Makrorestriktion mit
<i>C. jejuni subsp. jejuni</i>	<i>Sma</i> I, <i>Sal</i> I, <i>Kpn</i> I, <i>Xho</i> I, <i>Sac</i> II, <i>Bam</i> HI
<i>C. coli</i>	<i>Sma</i> I, <i>Kpn</i> I
<i>C. lari</i>	<i>Sma</i> I, <i>Sal</i> I, <i>Apa</i> I
<i>C. upsaliensis</i>	<i>Sma</i> I, <i>Xho</i> I

2.4.2.6. Vorkommen von *Campylobacter*

Campylobacter zeigt eine ökologische Vielfalt, so werden sie aus Wurzeln bestimmter Pflanzen, aus anaerobem Schlamm, Trinkwasser, Genital- und Intestinaltrakt sowie der Mundhöhle von Mensch und Tier isoliert. Die meisten scheinen pathogen zu sein und mit einer großen Bandbreite an Krankheiten verbunden zu sein (SMIBERT 1994; ON 1996).

Tab. 2-14: *Campylobacter*-Spezies mit Vorkommen und assoziierten Krankheiten
(ON 1996; WIELER und LATURNUS 2003)

	bekannte Quelle	Verbindung zu Krankheiten	
		Mensch	Tier
<i>Campylobacter jejuni</i> subsp. <i>jejuni</i>	Geflügel, Schwein, Rind, Hund, Katze, Wildvögel, Pinguin, Kaninchen, Dachs, Nerz, Igel, Rotwild, Sperber, Eichhörnchen, Mäusebussard, Fuchs, Nagetiere, Schimpansen, Lama, Hasen, Insekten, (Oberflächen, Fluss- und See-) Wasser	Gastroenteritis, Septikämie, Meningitis, Fehlgeburten, Proktitis, Guillain-Barre und Miller-Fisher Syndrom	Gastroenteritis (Katze, Hund), Hepatitis (Geflügel)
<i>Campylobacter coli</i>	Schwein, Geflügel, Rind, Schaf, Vögel, (Oberflächen- und Fluss-) Wasser	Gastroenteritis, Septikämie	Gastroenteritis
<i>Campylobacter lari</i> („ <i>Campylobacter laridis</i> “, NARTC)	Hund, Katze, Geflügel, Affen, Muscheln, Pferd, Austern, (Fluss- und See-) Wasser	Enteritis, Septikämie	Gastroenteritis
<i>Campylobacter upsaliensis</i> (CNW <i>Campylobacter</i>)	Hund, Katze, Affe, Ente	Enteritis, Septikämie, Abszesse, Fehlgeburten	Gastroenteritis (Hund, Katze)

NARTC = Nalidixinsäure-resistente thermophile *Campylobacter*

CNW = Katalase negativ – schwach

2.4.2.7. *Campylobacter*-Infektionen beim Geflügel

C. jejuni ist weltweit beim Wild- und Wirtschaftsgeflügel verbreitet. *C. coli*, *C. upsaliensis* und *C. lari* kommen seltener beim Wirtschaftsgeflügel vor. Erkrankungen treten besonders bei Hühnern und Puten auf. Belebte und unbelebte Vektoren spielen bei der Verbreitung des Erregers und beim Eintrag in geschlossene Stallungen eine wichtige Rolle. Die Ausbreitung im Bestand erfolgt sehr schnell (SELBITZ 2002) bzw. innerhalb von 1-2 Wochen (GLÜNDER und HINZ 2005). Die Infektion erfolgt oral, wobei es i.d.R. nur zur Besiedlung oder Infektion der Darmschleimhaut insbesondere im Bereich des Zäkums und angrenzender Darmabschnitte kommt.

GLÜNDER und HINZ (2005) beschreiben zwei Erkrankungsformen: die Enterale Erkrankung mit wässrigem bis mukösem Durchfall und Störung des Allgemeinbefindens sowie vermehrten Todesfällen bei Küken. Die Hepato-enterale Erkrankung verläuft eher chronisch mit wässrig-mukösem Durchfall, Apathie, Abmagerung, Anämie sowie Legeleistungsrückgang und Kammrückbildung bei Legehennen.

I.d.R. zeigt das Geflügel keine klinischen Veränderungen, so dass die Bedeutung dieser bakteriellen Infektion in der möglichen Kontamination der Schlachttierkörper und damit einer potentiellen Gefahr von Lebensmittelinfektionen liegt (SELBITZ 2002; GLÜNDER und HINZ 2005).

2.4.2.8. *Campylobacter*-Infektionen beim Menschen

Campylobacter zählen zu den wichtigsten bakteriellen Erregern von Lebensmittelinfektionen. Weltweit gehört *Campylobacter* zu den wichtigsten Durchfallerregern des Menschen. Insbesondere rohes Geflügelfleisch und Milch sind Ansteckungsquellen. *Campylobacter* reichert sich in Lebensmitteln zwar nicht an, dafür reichen aber ca. 500 Keime für eine Infektion des Menschen aus. Das klinische Bild ist durch fieberhafte Durchfälle ohne Erbrechen, aber mit Schüttelfrost, Kopf- und Gliederschmerzen gekennzeichnet (SELBITZ 2002; GLÜNDER und HINZ 2005). In Deutschland besteht Meldepflicht für die Erkrankung mit *Campylobacter* spp. (§ 7 IfSG).

2.5. Bekämpfung der Zoonoseerreger *Salmonella* und *Campylobacter* bzw. Präventionsmaßnahmen

2.5.1. In der Haltung

SELBITZ (2002) sieht das Hauptziel sowohl bei der *Salmonella*- als auch der *Campylobacter*bekämpfung nicht in der Verhinderung von Tierkrankheiten, sondern in der Schaffung und Erhaltung erregerefreier Bestände und somit in der Vermeidung von Lebensmittelinfektionen. **Hygienische Maßnahmen** werden dabei sowohl von HAFEZ (1997) als auch SELBITZ (2002) als wichtigste Bekämpfungsmittel genannt (Reinigung und Desinfektion, Schädlings- und Schädnerbekämpfung, Beseitigung von Tierkörpern und Abprodukten). Management und Personalschulung sind ebenfalls wichtige Aspekte.

Monitoringprogramme sind zur Ermittlung des Verseuchungsgrades, der Infektionsquellen und –wege sowie zur frühzeitigen Erkennung von Infektionen notwendig.

Weitere Maßnahmekomplexe sind im folgenden aufgeführt (HAFEZ 1997; SELBITZ 2002):

Bruthygiene mit Bruteibegasung oder Behandlung mit Chemotherapeutika und Desinfektionsmittellösungen; BAILEY (1993) verweist auf die Reinigung und Desinfektion in den Brütereien insbesondere der Eier und der Luft.

Futtermittelbehandlung durch mechano-thermische Verfahren (z.B. feuchte Erhitzung, Pelletierung oder Druckkonditionierung) oder Behandlung mit organischen Säuren (Ameisen- oder Propionsäure), bakteriologische Kontrolle aller Rohkomponenten und Vermeidung von Rekontaminationen;

antimikrobielle Therapie: Antiinfektiva sollten nur nach erfolgter Diagnostik (Erregernachweis und Resistenztest) angewendet werden. Probleme sind in der Resistenzentwicklung und Rückstandsproblematik sowie in latenten Infektionen und hohem Infektionsdruck zu sehen.

„**Competitive exclusion**“ (CE): CE bedeutet „konkurrierender Ausschluss“ oder „Ausschluss durch Konkurrenz“. Hierunter versteht man die gezielte Besiedlung des Darmkanals neugeborener Tiere mit der Darmflora gesunder erwachsener Tiere. Die Wirkung wird auf eine schnelle Etablierung einer gesunden Mikroflora im Darmtrakt zurückgeführt, wodurch die Kolonisation mit pathogenen Keimen gehemmt wird. Das Konzept wurde 1973 von Nurmi und Rantala entwickelt, weswegen es auch als Nurmi-Konzept bezeichnet wird. Eingesetzt wird es beim Geflügel und ist hauptsächlich auf die Salmonellenprophylaxe ausgerichtet. Die Applikation muss vor einer Salmonelleninfektion stattgefunden haben, so

dass sie in der Brüterei als Spray verabreicht oder dem ersten Tränkwasser beigesetzt wird. In Deutschland ist für die *Campylobacter*-bekämpfung noch kein zugelassenes Präparat vorhanden. BAILEY (1993) berichtet, dass mittels CE behandelte Broiler zu 10 % mit Salmonellen belastet waren, während die Kontrolltiere zu 41 % *Salmonella*-positiv waren.

Immunprophylaxe: In Deutschland gibt es *S. Typhimurium*- und *S. Enteritidis*-Lebendimpfstoffe sowie *S. Enteritidis*-Inaktivatvaccine. An effektiven *Campylobacter*- (Lebend-) Impfstoffen wird geforscht.

Besondere Impfvorschriften gibt es beim Geflügel nur für Hühner gegen *Salmonella* Enteritidis und *Salmonella* Typhimurium. Die Impfung ist in Aufzuchtbetrieben vorgeschrieben und kann für Zuchtbetriebe von der zuständigen Behörde angeordnet werden (§ 2 Hühner-Salmonellen-Verordnung).

2.5.2. Beim Transport und während der Schlachtung

TRAMPEL et al. (2000) schlagen zur Reduktion der Salmonellenbelastung das Entfernen von Einstreu und Fäzes von den Federn vor, bevor die Tiere die Produktionslinie erreichen.

Vorschläge für Änderungen wurden insbesondere in den drei Bereichen Brühtechnik, zusätzliche Reinigungsschritte und chemische Zusätze gemacht.

Schon 1977 wiesen MULDER und DORRESTEIJN darauf hin, dass das Brühen mit Gegenstrom, Ein- und Austritt der Tierkörper an unterschiedlichen Seiten des Brütanks sowie die Unterteilung des Brühsystems in mehrere Abteilungen Kreuzkontamination vermeiden hilft. Hohe Brühtemperaturen (in diesem Beispiel: 60 °C) tragen ebenfalls zur Keimreduktion bei. Salmonellen wurden nur aus Brühwasser isoliert, das unter 56 °C erwärmt wurde.

CASON et al. (1999) stellten fest, dass eine veränderte Brühtechnik (hier: Brühen mit Gegenstrom) zwar zu einer Verringerung der Keimbelastung des Brühwassers führt, aber kaum Einfluss auf die Belastung der entfederten Karkassen hat.

Ebenso konnten CASON et al. (2000) zeigen, dass die Salmonellenbelastung im dritten Tank einer aus drei Einzeltanks bestehenden Brühanlage, die mit Gegenstrom arbeitet, geringer ist als in den vorherigen Behältern und somit die Gefahr der Kreuzkontamination über das Brühwasser möglicherweise verringert werden kann.

PLESS und KÖFER (1998) weisen auf die Wichtigkeit einer sehr guten Reinigung und Desinfektion im Schlachtbetrieb, insbesondere der Brühanlage, hin, da sich Mängel in diesem Punkt durch eine deutlich erhöhte Salmonellenbelastung der Schlachttierkörper zeigen.

Das Abbrausen der Tierkörper mit frischem Wasser nach dem Verlassen des Brühtanks soll nach MULDER und DORRESTEIJN (1977) die Keimbelastung der Tierkörper verringern und so die Gefahr einer Kreuzkontamination während des Rupfens reduzieren.

BERRANG et al. (2000) versuchten durch ein erneutes Brühen nach dem Rupfen der Broiler, die mikrobiologische Qualität der Karkassen zu erhöhen. Die Gesamtkeimzahl ließ sich dadurch leicht absenken. Auf die Belastung mit *Campylobacter* hatte dies jedoch keine Auswirkungen.

IZAT et al. (1989) konnten die Salmonellenbelastung durch verschiedene chemische Behandlungen des Brüh- und Kühlwassers reduzieren, was jedoch mit einer Qualitätsbeeinflussung der Karkassen einherging. So führte beispielsweise der Zusatz von Wasserstoffperoxid zu ausgebleichten und aufgeblähten Karkassen, die Zugabe von Milchsäure zu einer leichten Verfärbung der Haut und Chlor im Kühlwasser zu einem strengen Chlorgeruch.

Chloriertes Kühlwasser scheint auch positive Effekte auf eine *Campylobacter*belastung zu haben (YUSUFU et al. 1983). STERN et al. (2001) konnten zwar auch aus chloriertem Kühlwasser in geringen Prozentsätzen *Campylobacter* isolieren, die Belastung der Broilerkarkassen war aber relativ gering.

Auch durch Besprühen der Arbeitsgeräte und -oberflächen mit chloriertem Wasser konnte die Kontamination abgepackter Karkassen reduziert werden (MEAD et al. 1995), der Effekt für den Verbraucher wurde insgesamt aber als gering eingestuft. Schon 1993 stellten MEAD et al. fest, dass chloriertes Wasser während oder direkt nach dem Rupfen sowie nach der Eviszeration und chloriertes Kühlwasser keine signifikanten Effekte auf die Kontamination der Geflügelkarkassen hat.

KEMP et al. (2001) entwickelten ein Spraysystem mit angesäuertem Natriumchlorit, das die mikrobielle Belastung kommerziell geschlachteten Geflügels reduzierte, aber keinen negativen Einfluss auf Geschmack, Textur oder Qualität des Fleisches hatte.

2.5.3. Übergreifende Aspekte

Die mikrobiologische Qualität der Tiere im Schlachtbetrieb zu verbessern ist nach BAILEY (1993) schwierig, insbesondere sollten Kreuzkontaminationen reduziert werden. Mehrere Autoren (BAILEY 1993; KOTULA und PANDYA 1995; YUTTENDALE et al. 1999; WICHMANN-SCHAUER et al. 2001) halten Prävention und Kontrolle während der

Geflügelaufzucht und die Schaffung erregerefreier Bestände für die beste Möglichkeit, die Belastung von Geflügelfleisch mit Zoonoseerregern zu reduzieren.

Da dies zur Zeit nicht der Fall ist, weisen KOTULA und PANDYA (1995) auf die Wichtigkeit der Hygiene in den Mästereien und die Transportbedingungen hin ebenso wie auf die Sauberkeit von Brühtank und Rumpfmaschinen. Auch WICHMANN-SCHAUER et al. (2001) fordern eine Verbesserung der Schlachttechnik und -hygiene.

UYTTENDAELE et al. (1999) halten eine Nulltoleranz für *Salmonella* und *Campylobacter* nicht für praktikabel, sondern sprechen sich dafür aus, Kriterien zu etablieren, nach denen sie in einem vernünftigen Maß vorhanden sein dürfen.

PLESS und KÖFER (1998) schlagen ein Salmonellenmonitoring zwei bis drei Wochen vor dem Schlachttermin in den Mastbeständen vor, um die Reihenfolge der Herden für die Schlachtung entsprechend den Ergebnissen festzulegen. Wird mit den *Salmonella*-negativen Herden begonnen, kann die Gefahr der Kreuzkontamination minimiert und somit die Gesamtbelastung der Schlachtierkörper reduziert werden. Unterstützt wird dieser Ansatz durch eine Untersuchung von CAMPBELL et al. (1984). Hier zeigten Puten, die in *Salmonella*-freier Umgebung aufgezogen worden waren, am Ende des Schlachtprozesses eine geringere Salmonellenbelastung als die Kontrolltiere. WICHMANN-SCHAUER et al. (2001) sprechen sich ebenso wie LIENAU et al. (2003) für eine „logistische Schlachtung“ aus.

FRIES (2005) spricht im Zusammenhang mit der Bekämpfung von Zoonoseerregern von der „Guten Hygienepaxis“ im landwirtschaftlichen Betrieb, im Schlachtbetrieb und bei der Küchenzubereitung als der ersten bis dritten Verteidigungslinie. Auch KOTULA und PANDYA (1995) sowie UYTTENDAELE et al. (1999) schlagen vor, Verbraucher und Lebensmittelhändler einzubeziehen und über die korrekte Handhabung, Hygiene und Kochmethoden von Geflügel zu informieren, um die Gefahr einer Lebensmittelinfektion zu vermeiden.

FRIES (2005) hält Einzelmaßnahmen nicht für ausreichend, sondern nur ein Gesamtpaket von Bekämpfungsmaßnahmen für erfolgversprechend.

3. Eigene Untersuchungen

3.1. Material

Die Proben wurden in zwei nordwestdeutschen Putenschlachtbetrieben, die mit unterschiedlicher Brühtechnik (Brühung im Brühtank bzw. Dampfbrühung) arbeiteten, gezogen. Eine genauere Beschreibung der Betriebe ist Tabelle 3-1 zu entnehmen.

Tab. 3-1: Technische Daten der Putenschlachtbetriebe

Prozessabschnitt	Betrieb 1	Betrieb 2
Brühung	Brühtank (Fassungsvermögen ~5000 l) Dauer: 2 - 3 min Temp.: 58 °C	Dampfbrühung Dauer: 4,5 min Temp.: 63 °C, ca. 100 % Luftfeuchtigkeit
Rupfen	Gummirupffinger	Gummirupffinger
Kühlen	Luftkühlung	Luftkühlung
Bandgeschwindigkeit	900 Hähne pro Stunde 1500 Hennen pro Stunde	2500 Hähne pro Stunde 2700 Hennen pro Stunde

Im Frühjahr 2002 wurden in jedem Betrieb zweimal im Abstand von zwei Wochen Proben genommen.

Die Probeentnahme erfolgte über den Produktionstag verteilt an drei unterschiedlichen Uhrzeiten (ca. 6 Uhr, 10 Uhr und 14 Uhr), die im folgenden als Sendung bezeichnet werden. Eine Sendung bestand dabei aus einer Gruppe von Tieren aus derselben Herkunft, von denen zu einer der angegebenen Uhrzeiten Proben entnommen worden waren. Somit gab es drei Sendungen pro Betrieb und Probenahmetag.

Außerdem erfolgte die Probenahme an vier bestimmten Positionen im Schlachtprozess:

- vor dem Brühtank/vor der Dampfbrühanlage
- nach der Rupfmaschine
- vor der Luftkühlung und
- während der Luftkühlung.

Die Proben an der Position „während der Kühlung“ wurden ca. 50-60 Minuten später als die an der Position „vor dem Kühlen“ genommen.

An den beiden Positionen „vor dem Brühtank/vor der Dampfbrühanlage“ und „nach der Rupfmaschine“ wurde Halshaut, an den Positionen „vor und während der Kühlung“ wurde Haut aus dem Bereich des Brusteinganges der Tiere genommen. Messer und Bestecke wurden

vor jedem Probenahmetag sterilisiert und zwischen den drei Entnahmezeitpunkten gereinigt, mit Alkohol benetzt und anschließend abgeflammt. An jeder Probenahmeposition wurden von 7 Puten Hautproben gewonnen. Die Hautstücke wurden direkt nach der Entnahme in sterile Stomacherbeutel verbracht und in mit Kühlelementen versehenen Kühlboxen ins Institut für Fleischhygiene und -technologie der FU Berlin transportiert.

Die insgesamt gewonnenen 336 Proben kamen folgendermaßen zustande:

An jeder der 4 Probenahmepositionen wurden 7 Proben zu den 3 unterschiedlichen Uhrzeiten genommen, d.h. pro Probenahmetag 84 Hautproben. Da jeder der beiden Betriebe zweimal angefahren wurde, ergibt sich das Gesamtprobenaufkommen von 168 Proben pro Betrieb (Tab. 3-2 und 3-3).

Tab. 3-2: Probeentnahmedaten für Betrieb 1; Entnahmezeitpunkte: 20.03.02, 03.04.02

Position	6 Uhr	10 Uhr	14 Uhr
vor dem Brühtank	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten
nach der Rupfmaschine	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten
vor der Luftkühlung	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten
während der Luftkühlung	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten

Tab. 3-3: Probeentnahmedaten für Betrieb 2; Entnahmezeitpunkte: 24.04.02, 07.05.02

Position	6 Uhr	10 Uhr	14 Uhr
vor der Dampfbrühanlage	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten
nach der Rupfmaschine	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten
vor der Luftkühlung	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten
während der Luftkühlung	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten	je 1 Hautstück von 7 Puten

Die Aufarbeitung der Proben fand am darauf folgenden Tag im Labor statt. Hierbei wurde jeder Hautlappen mit einer laufenden Nummer versehen, anschließend wurden zwei ca. 16 cm² große Hautstücke ausgeschnitten. Bei den an der Position „vor dem Brühtank“/„vor der Dampfbrühanlage“ gewonnenen Proben wurden die Federkiele vorher direkt an der Haut

abgesetzt. Jedes Hautstück wurde in einen Stomacherbeutel verbracht, von denen der eine kühl gelagert, der andere bei ungefähr -18 °C tiefgefroren wurde.

Bei den kühl gelagerten Proben wurde am selben Tag mit der Untersuchung auf *Campylobacter* begonnen, während die tiefgefrorenen Proben im Anschluss an die Probengewinnung und abgeschlossene Untersuchung auf *Campylobacter* auf die Parameter aerobe Keimzahl und *Salmonella* untersucht wurden. Um einen einheitlichen Aufbau der Arbeit zu gewährleisten, erfolgt die Beschreibung der Untersuchungen in der bisherigen Reihenfolge aerobe Keimzahl, *Salmonella* und *Campylobacter*.

3.2. Methoden

3.2.1. Feststellung der aeroben Keimzahl

Die Bestimmung der Keimzahl wurde nach der amtlichen Sammlung von Untersuchungsverfahren nach dem damals geltenden § 35 LMBG, L 06.00-18 durchgeführt. Die Berechnung erfolgte in Anlehnung an die DIN-Vorschrift 10113-1.

Aus dem Ansatz für die *Salmonella*-Untersuchung wurde 1 ml Flüssigkeit aus dem mit Hautstück und Anreicherungsflüssigkeit (gepuffertes Pepton-Wasser) versehenen und im Stomacher gemischten Beutel entnommen und in das erste, mit 9 ml Natriumchlorid-Peptonwasser (in Abb. 3-1 als VL bezeichnet) gefüllte Reagenzröhrchen der Verdünnungsreihe gegeben. Dann wurde eine dezimale Verdünnungsreihe angelegt und von jeder Verdünnungsstufe je 0,1 ml auf je 2 Standard-I-Nähragarplatten ausgespatelt. Die Platten wurden 48 h bei 30 °C bebrütet. Anschließend wurden die gewachsenen KbE ausgezählt. Das Anlegen der hier verwendeten Verdünnungsreihe ist im Anschluss in einer Skizze dargestellt (Abb. 3-1).

Zur Berechnung des gewichteten Mittelwertes wurden die Koloniezahlen der niedrigsten und der nächsthöheren auswertbaren Verdünnungsstufe (Platten, auf denen 1 bis 300 KbE gewachsen waren) herangezogen. Die Berechnung erfolgte nach folgender Formel:

$$c = \frac{\sum c}{n_1 \times 1 + n_2 \times 0,1} \times d \times k$$

c = gewichteter Mittelwert der Koloniezahlen

$\sum c$ = Summe der Kolonien aller Petrischalen, die zur Berechnung herangezogen wurden

n_1 = Anzahl der Petrischalen der niedrigsten ausgewerteten Verdünnungsstufe

- n_2 = Anzahl der Petrischalen der nächsthöheren Verdünnungsstufe
 d = Faktor der niedrigsten ausgewerteten Verdünnungsstufe
 k = Konstante (= 10), da nur 0,1 ml ausgespatelt wurden

Die Oberflächenkeimzahl (n_{OKZ}) je cm^2 wurde nach folgender Gleichung berechnet:

$$n_{OKZ} = \frac{c \times V}{A}$$

- c = gewichteter Mittelwert der Koloniezahlen
 V = Gesamtvolumen der Anreicherungsflüssigkeit
 A = Probenahme­fläche in cm^2

Das Ergebnis der Oberflächenkeimzahl wurde logarithmiert und die Einzeldaten mit den anderen Daten verrechnet.

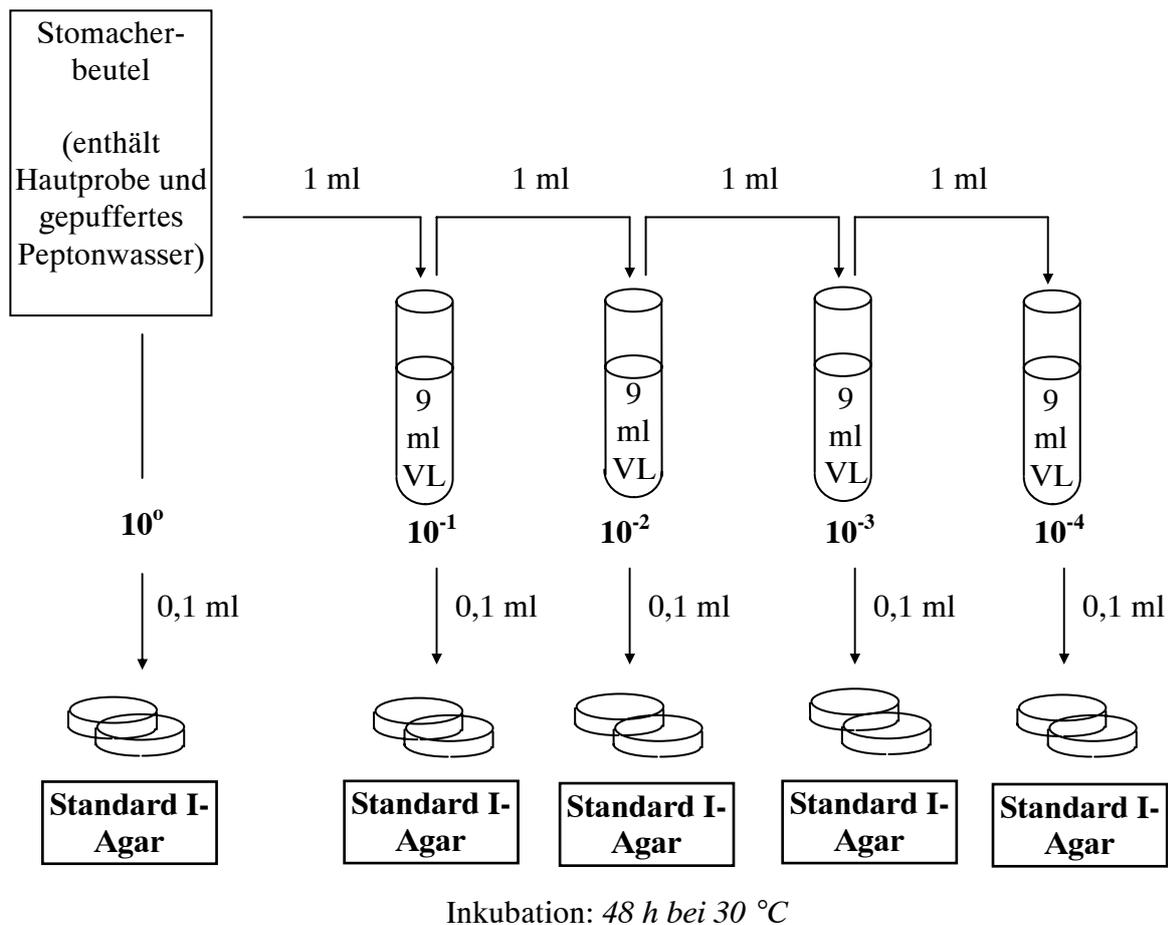


Abb. 3-1: Untersuchungsgang zur Bestimmung der aeroben Keimzahl

3.2.2. Statistische Auswertung

Um die erzielten Keimzahlen miteinander zu vergleichen, wurde der T-Test für unabhängige Stichproben angewendet. Die Berechnungen wurden mit dem SPSS-Programm von Microsoft Office durchgeführt.

3.2.3. Untersuchung auf *Salmonella*

3.2.3.1. konventionelle Untersuchung auf *Salmonella*

Die Untersuchungen wurden in Anlehnung an die amtliche Sammlung von Untersuchungsverfahren zu dem zu dieser Zeit gültigen § 35 LMBG, L 00.00-20 durchgeführt. Abb. 3-2 zeigt als Fließschema den Untersuchungsablauf (s. S. 47).

3.2.3.1.1. Untersuchungsansatz

Die Proben zur Untersuchung auf Salmonellen waren nach der Entnahme sämtlich tiefgefroren worden. Zur Aufarbeitung wurde das tiefgefrorene Hautstück im Kühlschrank ca. 45 Minuten aufgetaut. Dann wurde 50 ml Anreicherungsflüssigkeit (gepuffertes Pepton-Wasser) hinzugefügt und 60 Sekunden lang gestomachert. Anschließend wurde 18-24 h bei 37 °C bebrütet. Aus dieser bebrüteten Voranreicherung wurden 0,1 ml in 10 ml RVS-Medium (1. Hauptanreicherung) überpipettiert, die nach Durchmischung für 24 h bei 42 °C bebrütet wurden. Außerdem wurden 10 ml der Voranreicherung in 100 ml Tetrathionat-Medium (2. Hauptanreicherung) gegeben und ebenfalls nach Durchmischung für 24 h bei 37 °C bebrütet. Aus jeder der beiden Hauptanreicherungen wurde mit einer Impföse Material entnommen und jeweils auf BPLS- und Rambach-Agar ausgestrichen. Die beiden Hauptanreicherungen wurden weitere 24 h bei 42 °C bzw. 37 °C bebrütet und anschließend wurden wiederum BPLS- und Rambach-Agar beimpft. Die beimpften Agar-Platten wurden jeweils für 24 h bei 37 °C bebrütet. Bei Vorliegen verdächtiger Kolonien (BPLS-Agar: rot mit leuchtend rotem Hof; Rambach-Agar: rot) wurde eine verdächtige Kolonie auf einer TSYEA-Platte ausgestrichen und die Platte 24 h bei 37 °C bebrütet.

3.2.3.1.2. Serologische Identifizierung

Im Anschluss wurde die **serologische Bestätigung** durchgeführt. Dazu wurde Koloniematerial von der TSYEA-Platte abgenommen und jeweils mit physiologischer Kochsalzlösung (Kontrolle auf Selbstagglutination), mit omni- und zuletzt mit polyvalentem *Salmonella*-Testserum (Polyspezifisches Testreagens Anti-Salmonella I (A-E),

Polyspezifisches Testserum „Anti-Salmonella II“) verrieben. Ein positives Ergebnis zeigte sich durch Agglutination, die mit bloßem Auge erkennbar war, wohingegen sich ein negatives Ergebnis in Form einer milchig-trüb bleibenden, homogenen Suspension darstellte.

3.2.3.1.3. Biochemische Identifizierung

Bei positivem Befund erfolgte die **biochemische Bestätigung**. Dazu wurde ein TSI-Agar, ein Harnstoff-Agar (Harnstoffagar nach CHRISTENSEN) und ein Lysin-Decarboxylase-Agar beimpft sowie die VP-Reaktion und die Indol-Reaktion angesetzt. Die Nährmedien wurden 24 h bei 37 °C bebrütet. Das Auswertungsschema für den TSI-Agar ist unter Punkt 3.2.4.1.2. „Bestätigung des *Campylobacter*-verdacht“ (Tab. 3-8, S. 54) beschrieben. Bei einem positiven Befund zeigte der Harnstoff-Agar eine rosa bis tiefrote Farbe. Der Lysin-Decarboxylase-Agar nahm im positiven Fall eine purpurrote bis violette und im negativen Fall eine gelbe Färbung an. Dem Reagenzröhrchen mit VP-Bouillon wurde Barritt-Reagenz und 40 %ige Kalilauge zugesetzt. Eine positive Reaktion zeigte sich innerhalb von 15 Minuten durch eine rosa bis leichtrote Färbung. Für die Indol-Reaktion wurde Kovács-Reagenz zugegeben, woraufhin sich im positiven Fall ein roter Ring bildete. Den für *Salmonella*-Isolate zu erwartenden Ausgang der Reaktionen gibt Tabelle 3-4 wieder.

Tab. 3-4: biochemische Reaktionen von Salmonellen (nach § 35 LMBG, L 00.00-20)

	Ergebnis	Reaktionswahrscheinlichkeit der <i>Salmonella</i>-Serotypen*
Glucose-Umsetzung (Säurebildung; TSI-Agar)	+	100 %
Glucose-Umsetzung (Gasbildung; TSI-Agar)	+	91,9 %
Lactose-Umsetzung (TSI-Agar)	-	99,2 %
Saccharose-Umsetzung (TSI-Agar)	-	99,5 %
Schwefelwasserstoffbildung (TSI-Agar)	+	91,6 %
Harnstoff-Spaltung	-	100 %
Lysin-Decarboxylierung	+	94,6 %
VP-Reaktion	-	100 %
Indol-Reaktion	-	98,9 %

*: Die angegebenen Prozentzahlen sind Orientierungswerte, da nicht alle Salmonellenstämme die mit + oder – gekennzeichneten Reaktionen zeigen.

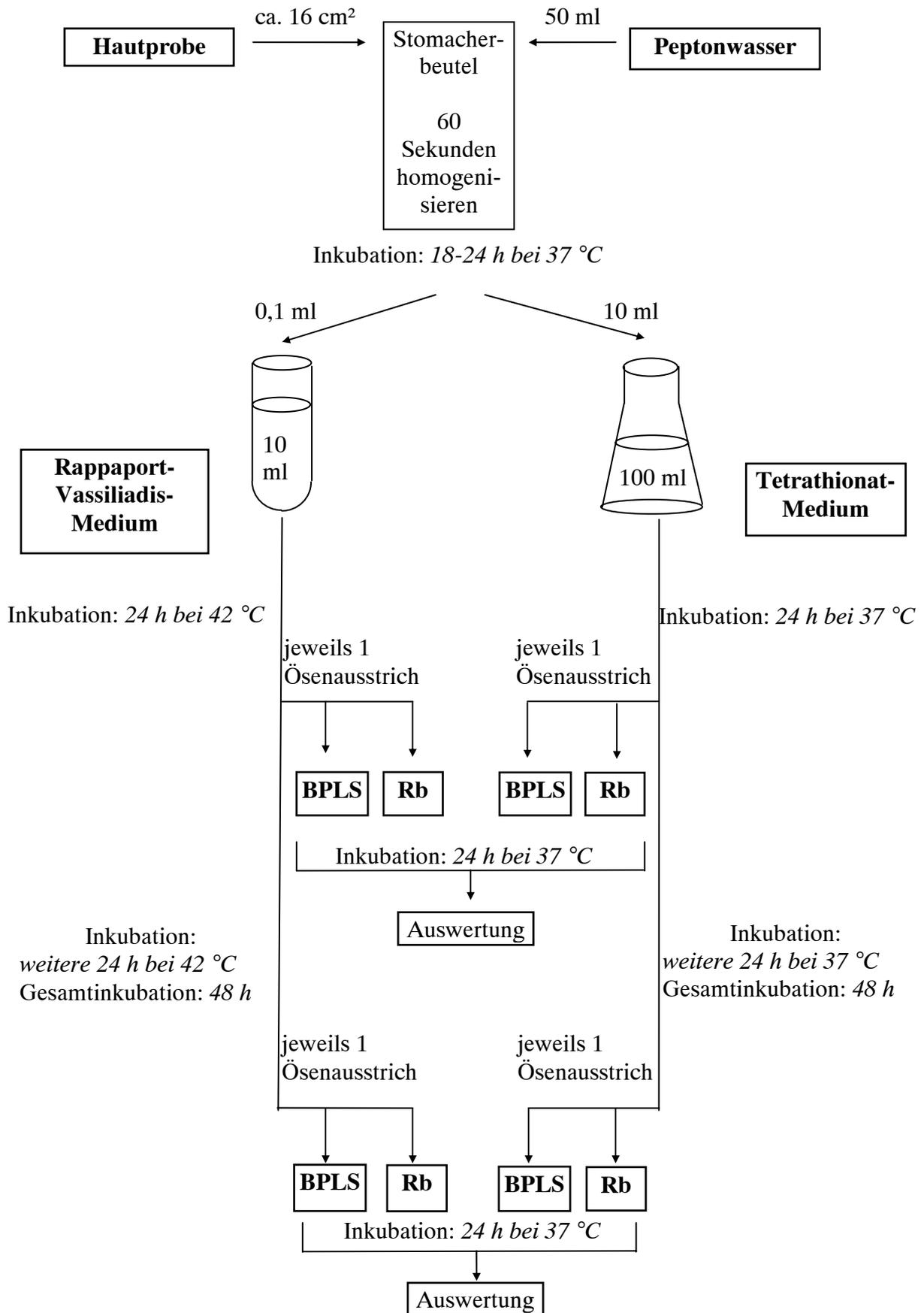
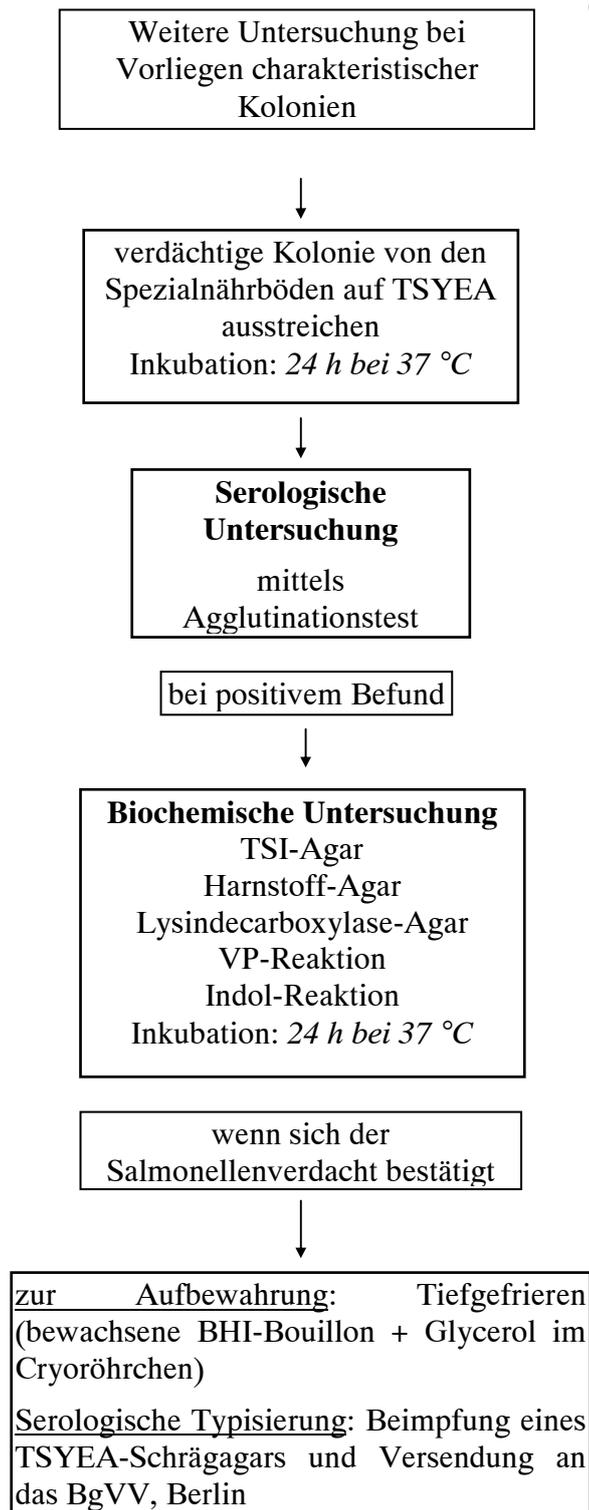


Abb. 3-2: Untersuchungsgang zum Nachweis von *Salmonella*

(Fortsetzung auf S. 48)

(Fortsetzung von S. 47,
Abb. 3-2)Abb. 3-2: Untersuchungsgang zum Nachweis von *Salmonella*

Zur Aufbewahrung wurden positiv auf *Salmonella* getestete Isolate tiefgefroren. Dazu wurde bewachsene BHI-Bouillon und Glycerol in Cryoröhrchen abgefüllt.

Als Referenzstämme dienten *S. Typhimurium* (DSM 5569) sowie *S. Enteritidis* (DSM 9898). Zur weiteren Untersuchung wurden frisch beimpfte TSYEA-Schrägagar-Röhrchen an das BgVV (das heutige BfR, Bundesinstitut für Risikobewertung), Berlin geschickt. Hier wurden die Serovar, z.T. der Phagentyp und die minimalen Hemmkonzentrationen (MHK) bestimmt.

3.2.3.2. Molekularbiologische Untersuchung mittels PFGE

Als Grundlage der Untersuchungsdurchführung wurden die Angaben von MASLOW et al. (1993) herangezogen.

3.2.3.2.1. Anzucht und Zelllysis

Die *Salmonella*-Isolate wurden auf Standard I-Platten angezüchtet. Danach wurde Koloniematerial in 5 ml Standard I-Nährbouillon gegeben und über Nacht bei 37 °C bebrütet. 1,3 ml dieser Übernachtskultur wurden zentrifugiert (5 min bei 10.000 rpm) und der Überstand anschließend entfernt. Das Sediment wurde in 1 ml eiskalter PIV-Lösung¹ aufgenommen und zentrifugiert (5 min bei 10.000 rpm). Nach Entfernen des Überstandes und Zugabe von 1 ml 2x Lysis-Lösung² (modifiziert nach MATUSHEK 1996) wurden 135 µl dieser Suspension mit 135 µl Low-Melting-Point – Agarose (LMP-Agarose) 1,2 % gemischt und in einen Gießblock gegeben. Nach dem Erstarren wurden die Agaroseblöckchen (15-20 mm hoch, 9 mm breit und 2 mm dick) aus der Gießform entnommen und jeweils in ein Eppendorf-Tube gegeben. Mit 1 ml 1x Lysislösung³ versetzt, erfolgte die Inkubation über Nacht bei 37 °C im Thermomixer (ca. 500 rpm).

3.2.3.2.2. Waschschritte und Deproteinisierung

Nach Entfernung der Lysis-Lösung wurde dreimal 20 min mit je 1 ml ES-Puffer⁴ gewaschen. Nach Zugabe von 1 ml frisch angesetzter ESP-Lösung⁵ wurde bei 50 °C im Thermomixer (ca. 500 rpm) für mind. 17 Stunden inkubiert.

Die Legende zu den Fußnoten 1 – 12 findet sich in Tab. 3-6.

3.2.3.2.3. Waschschritte und Restriktionsverdau

Die ESP-Lösung⁵ wurde entfernt. Die Agaroseblöckchen wurden dreimal mit je 14 ml TE-Puffer⁶ gewaschen (Horizontalschüttler, 70 rpm, jeweils 50-60 min). Die Blöckchen wurden auf Slotgröße in 3-4 Teile zurechtgeschnitten und je in ein Eppendorf-Tube gegeben. Mit 1 ml Äquilibrierpuffer⁷ versetzt wurde dann für 30 min äquilibriert. Nach Entfernung des Puffers wurden 70 μ l Restriktionsendonuklease-Lösung⁸ zugegeben. Die Inkubation erfolgte über Nacht bei 37 °C im Thermomixer (ca. 500 rpm).

3.2.3.2.4. Gelherstellung

1,2 % LMP-Agarose wurde in 1x TBE-Puffer⁹ gekocht, im Wasserbad abgekühlt und dann in die Gießform gegeben (Gelträger mit Kamm auf einem Nivelliertisch stehend).

3.2.3.2.5. Durchführung der PFGE

Nach dem Restriktionsverdau wurden 25 μ l ES-Puffer⁴ und 50 μ l Ladepuffer¹⁰ zu den Blöckchen gegeben. Dann wurden diese in die Slots des Gels überführt, ebenso wie die DNA-Längen-Standards. Die Slots wurden mit LMP-Agarose verschlossen und das Gel in die Gelkammer (gefüllt mit 1,5 l TBE-Puffer⁹) des PFGE-Gerätes gesetzt. Nach Zugabe des restlichen TBE-Puffers⁹ wurde das Programm (Pulsfrequenz: 15 h: 5-60 Sekunden, 12 h: 60-80 Sekunden, Spannung: 200 V, Drehwinkel: 120°, Temperatur: 12 °C) gestartet.

3.2.3.2.6. Darstellung und Dokumentation

Das Gel wurde 30 min in Ethidiumbromid-Lösung¹¹ gefärbt, anschließend in A. dest. 20 min entfärbt und dann unter UV-Licht (302 nm) mit einer digitalen Videokamera fotografiert und in einem Gel-Dokumentationssystem gespeichert.

Die Auswertung erfolgte visuell (TENOVER et al. 1995). Dabei wurden die Bandenmuster in 4 Kategorien eingeteilt, die in Tab. 3-5 aufgeführt sind.

Tab. 3-5: Einteilung der PFGE-Bandenmuster entsprechend ihres Verwandtschaftsgrades nach TENOVER et al. (1995)

Kategorien der PFGE-Bandenmuster	Anzahl der genetischen Ereignisse	typische Anzahl der daraus resultierenden unterschiedlichen Banden
nicht unterscheidbar (identische Bandenmuster)	0	0
nahe verwandt	1	2 - 3
möglicherweise verwandt	2	4 - 6
unterschiedlich (Weniger als 50 % der Bandenmuster stimmen überein.)	3 oder mehr	7 oder mehr

3.2.3.2.7. Darstellung von *S. Saintpaul*

Drei der vier *S. Saintpaul*-Isolate ließen sich auf diese Weise nicht darstellen. Deswegen wurde der Laufpuffer gewechselt. Anstatt TBE⁹ wurde HEPES¹² als Laufpuffer verwandt (KOORT et al. 2002). Nun zeigten die Isolate ein Bandenmuster.

3.2.3.2.8. Verwendete Lösungen und ihre Zusammensetzung

Die Fußnoten nehmen Bezug auf diejenigen im vorhergehenden Text (3.2.3.2.).

Tab. 3-6: Lösungen, die für die molekularbiologische Untersuchung der *Salmonella*-Isolate benutzt wurden

Lösung	Zusammensetzung
PIV-Lösung ¹	10 mM Tris-HCl + 1 M NaCl, pH 8,0
Lysislösung ²	Aqua bidest. + 6 mM TrisHCl, pH 8,0 + 1 M NaCl + 100 mM EDTA (Titriplex II), pH 8,0 + 0,5 % Brij 58 + 0,2 % Na-Desoxycholat + 0,5 % Na-Laurylsarcosin + RNase-Lösung + Lysozym + Mutanolysin
Lysislösung ³	halbe Konzentration der Lysislösung ²
ES-Puffer ⁴	0,5 M EDTA (Titriplex II) + Sarkosyl (1 %), pH 9,0

Lösung	Zusammensetzung
ESP-Lösung ⁵	ES-Puffer ⁴ + Proteinase K (1 mg/ml), pH 9,0
TE-Puffer ⁶	10 mM Tris-HCl + 1 mM EDTA (Titriplex III), pH 7,5
Äquilibrierpuffer ⁷	nach Herstellerangaben dem 1x Enzympuffer (Bestandteil der Restriktionsendonuklease-Lösung) nachempfunden
Restriktionsendonuklease-Lösung ⁸	<i>Xba</i> I und <i>Spe</i> I: Gebrauchslösung nach Herstellerangaben anfertigen (<i>Xba</i> I: 60 U pro Probe; <i>Spe</i> I: 40 U pro Probe)
0,66 x TBE-Puffer ⁹ (Laufpuffer)	1 x TBE: 90 mM Tris + 90 mM Borat + 2,5 mM EDTA (Titriplex II), pH 8,5; 2 l 1 x TBE + 1 l Aqua bidest.
Ladepuffer ¹⁰	40 mg EDTA (Titriplex III) in 10 ml Aqua bidest. + 4 g Saccharose + 3 mg Bromphenolblau
Ethidiumbromid-Lösung ¹¹	0,5 mg EtBr/l
HEPES ¹² (Laufpuffer)	16 mM HEPES-NaOH + 16 mM Natriumacetat + 0,8 mM EDTA, pH 7,5

3.2.3.3. Definition identischer *Salmonella*-Stämme

Salmonella-Isolate, bei denen Serovar, phänotypische Angaben (Antibiogramm, Phagentypisierung und biochemische Merkmale) sowie PFGE-Bandenmuster übereinstimmten, wurden als identisch bezeichnet. Identische Stämme wurden jeweils mit einem Buchstaben gekennzeichnet. Die alphabetische Aufzählung reichte von klein a bis z bis zu den Großbuchstaben A bis L. Zur eindeutigen Abgrenzung zu den *Campylobacter*-Stämmen wird der Buchstabe zusammen mit der Serovar angegeben, z.B. x (*S*.Tm). Die vollständige detaillierte Auflistung befindet sich im Anhang (Anhang 9.3).

In Tabelle 3-7 sind Beispiele aufgeführt, wie bei der Festlegung von identischen Stämmen vorgegangen wurde. Bei den ersten beiden Beispielen wurde aufgrund des unterschiedlichen Resistenzmusters differenziert, bei den Beispielen 3 und 4 aufgrund des unterschiedlichen biochemischen Verhaltens und bei den Beispielen 5 und 6 aufgrund der unterschiedlichen Serovar.

Tab. 3-7: identische *Salmonella*-Stämme, Beispiele

Beispiel-Nr.	Stamm	Serovar	PFGE-Bandenmuster	Resistenzmuster
1	a	<i>S. Agona</i>	X-5	Ampicillin, Gentamicin, Streptomycin, Amoxicillin/Clavulansäure 2:1, Tetracyclin, Sulphamethoxazol, Spectinomycin
2	b	<i>S. Agona</i>	X-5	Gentamicin, Streptomycin, Sulphamethoxazol, Spectinomycin
3	e	<i>S. Heidelberg</i>	X-2	sensibel
4	f	<i>S. Heidelberg</i>	X-2	sensibel, H ₂ S-negativ
5	i	<i>S. Heidelberg</i>	X-2-1	Colistin
6	D	<i>S. Typhimurium</i> , DT 193	X-2-1	sensibel

3.2.4. Untersuchung auf *Campylobacter*

3.2.4.1. konventionelle Untersuchung auf *Campylobacter*

Die Untersuchung auf *Campylobacter* wurde nach DIN ISO DIS 10272 durchgeführt.

3.2.4.1.1. Untersuchungsansatz

Dem im Stomacherbeutel befindlichen Hautstück wurde 50 ml Anreicherungsflüssigkeit (Preston-Bouillon) hinzugefügt. Anschließend wurde 60 Sekunden im Stomacher homogenisiert und der Beutel 48 h bei 42 °C unter mikroaerophilen Bedingungen (5 % O₂, 10 % CO₂, 85 % N₂) bebrütet. Aus der bebrüteten Anreicherungsbouillon wurde mit einer Öse Material entnommen und die Oberfläche eines Karmali-Agar und nach erneuter Entnahme ein Preston-Agar beimpft. Die Platten wurden ebenfalls 48 h bei 42 °C unter mikroaerophilen Bedingungen im Brutschrank bebrütet und anschließend besichtigt. Charakteristische Kolonien stellten sich dann wie folgt dar:

- Karmali-Agar: gräulich, flach und feucht mit Ausbreitungstendenz
- Preston-Agar: gräulich, flach und feucht mit Ausbreitungstendenz; Der Nährboden war nach Abnahme der Kolonie unverändert.

3.2.4.1.2. Bestätigung des *Campylobacter*verdacht

Zur Bestätigung wurde eine **Gram-Färbung** durchgeführt. Verdächtig waren gramnegative, gebogene Bakterien unterschiedlicher Länge, die in Subkulturen oder älteren Kulturen auch

kokkoid sein konnten. Zur Beurteilung der **Beweglichkeit** wurde etwas Koloniematerial in einem Tropfen Brucella-Bouillon im hängenden Tropfen unter dem Mikroskop betrachtet. Verdächtig waren Bakterien, die eine spiralförmige, „korkenzieherartige“ Beweglichkeit (charakteristische Schlängelbewegung) zeigten. Des Weiteren wurde der **Oxidase-Nachweis** mittels Teststreifen durchgeführt, indem etwas Koloniematerial auf dem Teststreifen verrieben wurde. Im positiven Fall zeigte sich innerhalb von 20 bis 60 Sekunden eine blau bis blauviolette Färbung. Der beimpfte **TSI-Agar** wurde 24 h bei 42 °C unter mikroaerophilen Bedingungen bebrütet. Mit diesem Agar wurden mehrere Reaktionen überprüft, die Tabelle 3 -8 zu entnehmen sind.

Tab. 3-8: Auswertung der Reaktionen im TSI-Agar (DIN ISO DIS 10272)

Hochschichtagar	gelb	glucosepositiv (Glucosevergärung)
	rot oder unverändert	glucosenegativ (keine Glucosevergärung)
	schwarz	Bildung von Schwefelwasserstoff (H ₂ S)
	Blasen oder Spalten	Gasbildung aus Glucose
Schrägfläche	gelb	lactose- und /oder saccharosepositiv (Abbau eines Zuckers oder beider)
	rot oder unverändert	lactose- und saccharosenegativ (kein Zuckerabbau)

Thermotolerante *Campylobacter*-Spezies sind glucose-, lactose- und saccharose-negativ. Ebenso zeigen sie keine Gasbildung. Die H₂S-Bildung wird zur weiteren Differenzierung herangezogen.

3.2.4.1.3. Differenzierung der *Campylobacter*-Species

Zur Differenzierung der einzelnen *Campylobacter*-Species wurden der Katalase-Nachweis, die Schwefelwasserstoffbildung, die Hippurat-Hydrolyse sowie der Nachweis der Sensibilität gegenüber Nalidixinsäure und Cephalotin durchgeführt.

Beim **Katalase-Nachweis** wurde Koloniematerial in einen Tropfen 3%ige Hydrogenperoxidlösung gegeben. Ein positives Ergebnis zeigte sich durch Blasenbildung innerhalb von 30 Sekunden. Die Hydrogensulfidbildung zeigte sich durch Schwarzfärbung im bebrüteten **TSI-Agar**. Zum Nachweis der **Hippurat-Hydrolyse** wurde Koloniematerial mit 0,5 ml Natriumhippuratlösung in einem Hämolyseröhrchen vermischt und 2 h bei 37 °C

bebrütet. Nach dem vorsichtigen Aufbringen von 0,2 ml 3,5 %iger Ninhydrinlösung wurde 10 Minuten bei 37 °C bebrütet. Eine positive Reaktion zeigte sich durch eine dunkelviolette Färbung, während bei einer hellvioletten bis gelb-beigen Färbung eine negative Reaktion vorlag. Zum **Nachweis der Sensibilität gegenüber Nalidixinsäure und Cephalotin** wurde Koloniematerial in Brucella-Bouillon verrieben und auf einem 5 %igen Mueller-Hinton-Blutagar ausgespatelt. Auf die getrocknete Agaroberfläche wurde je ein Testscheibchen mit Nalidixinsäure (30 µg) und Cephalotin (30 µg) aufgelegt. Nach einer Bebrütungszeit von 24 h bei 37 °C unter mikroaerophilen Bedingungen wurde das Bakterienwachstum bewertet. Das durchgehende Wachstum bis zum Testscheibchen zeigte ein resistentes Verhalten an, wohingegen das Vorliegen einer Wachstumshemmzone jeglicher Größe als sensibel galt. Zur **Untersuchung des Wachstums bei 25 °C** wurden 5 ml Brucella-Bouillon mit Koloniematerial beimpft und 2 bis 5 Tage bei 25 °C unter mikroaerophilen Bedingungen bebrütet. Dann wurde die Bouillon auf Wachstum untersucht.

Tabelle 3-9 zeigt das Identifizierungsschema für *C. jejuni*, *C. coli*, *C. lari* und *C. upsaliensis*.

Tab. 3-9: Identifizierung der *Campylobacter*-Spezies *C. jejuni*, *C. coli*, *C. lari* und *C. upsaliensis* (DIN ISO DIS 10272)

Merkmal	<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>	<i>C. lari</i>	<i>C. upsaliensis</i>
Wachstum bei 25 °C	-	-	-	-
H ₂ S-Bildung (TSI)	-	(+)	-	-
Resistenzverhalten gegenüber Nalidixinsäure	S	S	R	S
Resistenzverhalten gegenüber Cephalotin	R	R	R	S
Hippurat-Hydrolyse	+	-	-	-
Katalase	+	+	+	- oder (-)

Die Anzüchtung unter mikroaerophilen Bedingungen erfolgte in einer Anaerobierbank bzw. in Anaerobiertöpfen.

Zur Stammhaltung wurden die isolierten *Campylobacter*-Stämme tiefgefroren (Cryobank™). Als Referenzstämme wurden *Campylobacter jejuni* (DSM 4688) sowie *Campylobacter coli* (DSM 4689) mitgeführt.

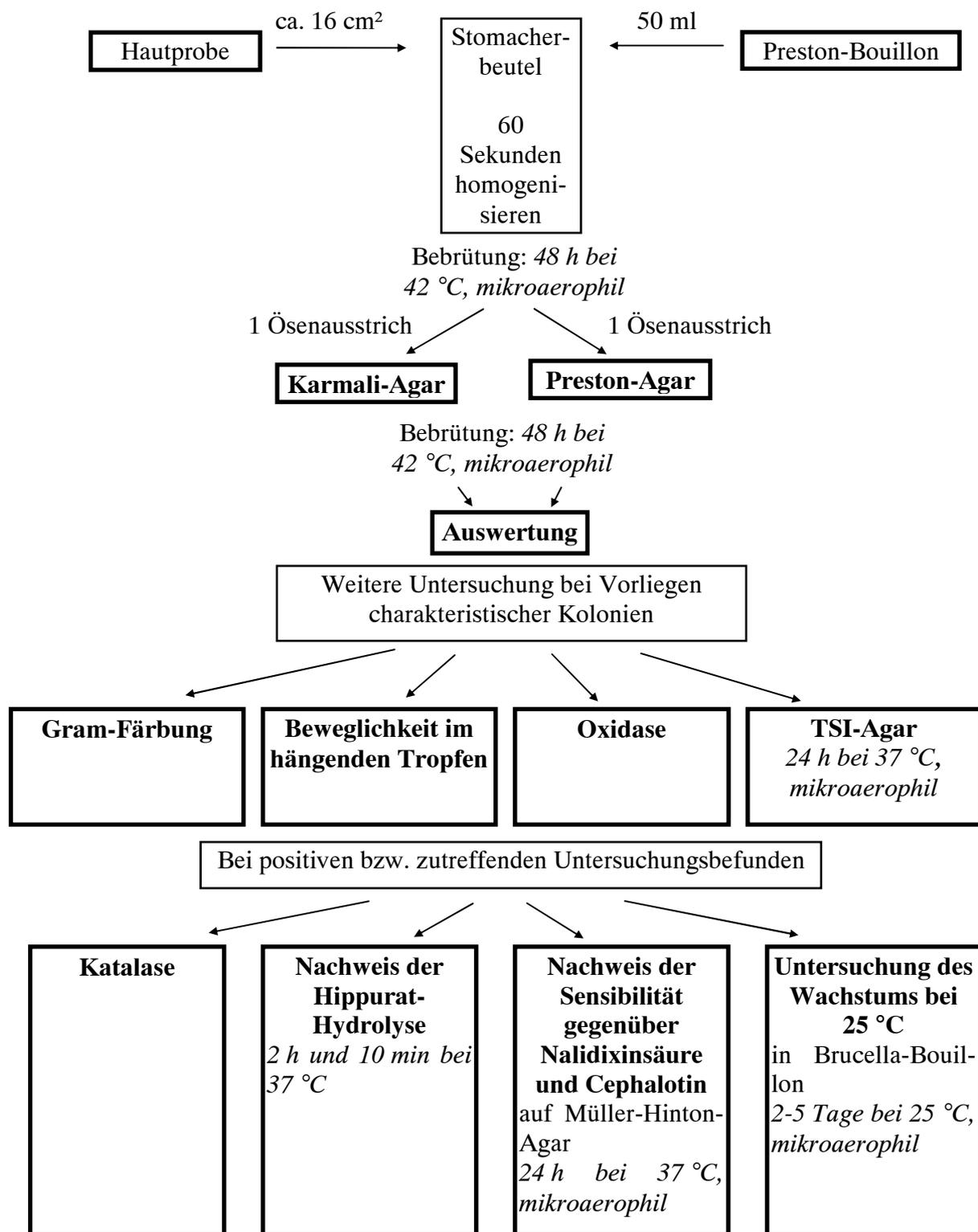


Abb. 3-3: Untersuchungsgang zum Nachweis des Genus *Campylobacter* sowie von Species des Genus

3.2.4.2. Molekularbiologische Untersuchung mittels PFGE

Die Untersuchungsdurchführung erfolgte in Anlehnung an das CAMPYNET-Standard-Protokoll (<http://campynet.vetinst.dk>).

3.2.4.2.1. Anzucht

Die konventionell als *Campylobacter* identifizierten Isolate wurden auf Blutplatten unter mikroaerophilen Bedingungen bei 42 °C angezchtet. Die Subkultivierung erfolgte in Brucella-Bouillon. Von dieser wurden zweimal 1,4 ml in ein Eppendorf-Tube gegeben und je 5 min bei 10.000 rpm zentrifugiert. Nach der Zentrifugation wurde der Überstand entfernt. Aus dem Sediment und eiskalter Pett IV¹-Lösung wurde eine Keimsuspension hergestellt. 150 µl dieser Keimsuspension wurden mit 350 µl Agarose (1 %ig, in A. dest. gekocht) gemischt und in einen Gießblock gefüllt. Nach 10 min im Kühlschrank wurden die Agarose-Blöckchen (10 mm hoch, 5 mm breit und 1,5 mm dick) aus der Form entnommen und jeweils in ein Eppendorf-Tube gegeben.

3.2.4.2.2. Deproteinisierung

Jedes Blöckchen wurde mit 1,4 ml ESP-Puffer² versetzt. Die Inkubation erfolgte über Nacht bei 56 °C im Thermomixer mit ca. 500 rpm. Der Puffer wurde am nächsten Tag entfernt und durch frischen ESP-Puffer² ersetzt.

3.2.4.2.3. Waschschritte und Restriktionsverdau

Nach dem Entfernen des ESP-Puffers² wurde sechsmal je 10 ml TE-Puffer³ zu den Blöckchen gegeben (Horizontalschüttler, 70 rpm, jeweils mind. 20 min) und danach entfernt. Von jedem Agarose-Block wurde eine 1 mm-Scheibe abgeschnitten und in einem Eppendorfgefäß mit 1 ml Äquilibrierpuffer⁴ bei Raumtemperatur äquilibriert. Nach 1 Stunde wurde der Puffer gegen 50 µl der Restriktionsendonuklease-Lösung⁵ ausgetauscht. Die Inkubation erfolgte über Nacht bei 30 °C (*Sma*I) bzw. 37 °C (*Kpn*I).

Die Legende zu den Fußnoten 1 – 9 ist Tab. 3-10 zu entnehmen.

3.2.4.2.4. Gelherstellung

1,4 % Agarose (Pulsed Field Certified Agarose) wurde in 0,5 x TBE-Puffer⁶ gekocht, im Wasserbad abgekühlt und dann gegossen (Gelträger mit Kamm auf Nivelliertisch stehend).

3.2.4.2.5. Durchführung der PFGE

25 µl ES-Puffer⁶ und 50 µl Ladepuffer⁷ wurden zu den Agarose-Scheibchen gegeben. Nach dem Abgießen dieser Puffer wurden die Agarose-Scheibchen in die Slots des Gels überführt, ebenso wie die DNA-Längenmarker. Die Slots wurden mit der restlichen flüssigen Agarose überschichtet. In die bereits mit Laufpuffer⁸ gefüllte Gelkammer wurde das geladene Gel eingesetzt, der Rest des Laufpuffers⁸ zugegeben und das Programm gestartet (für *Sma*I: Pulsfrequenz: 0,5–40 Sekunden, Dauer: 22,5 h, Spannung: 200 V, Drehwinkel: 120°, Temperatur: 12 °C; für *Kpn*I: Pulsfrequenz: 4-20 Sekunden; Dauer: 20 h, Spannung: 200 V, Drehwinkel: 120°, Temperatur: 12 °C).

3.2.4.2.6. Darstellung und Dokumentation

Nach Beendigung des Laufprogramms wurde das Gel in Ethidiumbromid⁹ für 40 min gefärbt und im Anschluss 30 min lang in destilliertem Wasser entfärbt. Das Gel wurde dann unter UV-Licht (302 nm) fotografiert und in einem Gel-Dokumentationssystem gespeichert. Die Auswertung erfolgte visuell nach denselben Kriterien wie sie für Salmonellen angelegt wurden (TENOVER et al. 1995). Eine Beschreibung der Einteilung der Bandenmuster in 4 Kategorien ist unter Punkt 3.2.3.2.6 zu finden.

3.2.4.2.7. Verwendete Lösungen und ihre Zusammensetzung

Die Fußnoten beziehen sich auf die im Text (3.2.4.2.) verwendeten Fußnoten.

Tab. 3-10: Lösungen, die für die molekularbiologische Untersuchung der *Campylobacater*-Isolate benutzt wurden

Lösung	Zusammensetzung
Pett IV-Lösung ¹	1 M NaCl + 10 mM Tris + 10 mM EDTA (Titriplex III), pH 8,0
ESP-Puffer ²	0,5 M EDTA (Titriplex II) + 1 % Sarkosyl + 1 mg/ml Proteinase K, pH 9,0
TE-Puffer ³	10 mM Tris + 1 mM EDTA
Äquilibrierpuffer ⁴	nach Herstellerangaben dem 1x Enzympuffer (Bestandteil der

Lösung	Zusammensetzung
	Restriktionsendonuklease-Lösung ⁵) nachempfunden
Restriktionsendonuklease-Lösung ⁵	<i>Sma</i> I bzw. <i>Kpn</i> I: Gebrauchslösung nach Herstellerangaben anfertigen (<i>Sma</i> I: 40 U pro Probe; <i>Kpn</i> I: 60 U pro Probe)
ES-Puffer ⁶	0,5 M EDTA (Titriplex II) + Sarkosyl (1 %), pH 9,0
Ladepuffer ⁷	40 mg EDTA (Titriplex III) in 10 ml Aqua bidest lösen + 4 g Saccharose + 3 mg Bromphenolblau
0,5 x TBE-Puffer ⁸ (Laufpuffer)	45 mM Tris + 45 mM Borat + 1 mM EDTA (Titriplex II), pH 8,5
Ethidiumbromid-Lösung ⁹	0,5 mg EtBr/l

3.2.4.3. Definiton identischer *Campylobacter*-Stämme

Es wurde festgelegt, dass sich identische *Campylobacter*-Stämme über die Kombination aus Spezies und den beiden PFGE-Bandenmustern definieren.

Um identische Stämme zu benennen, wurden diese jeweils mit einem Buchstaben gekennzeichnet. Die alphabetische Aufzählung reicht von klein a bis x bis zu den Großbuchstaben A bis O.

Die vollständige detaillierte Auflistung mit Angabe der Probenahmestelle und des Probenahmezeitpunktes befindet sich im Anhang (Anhang 9.4).

Zur Abgrenzung zu den *Salmonella*-Stämmen wird der Buchstabe zusammen mit der Spezies angegeben, z.B. a (*C. jejuni*).

4. Ergebnisse

4.1. Konventionelle Untersuchung

4.1.1. Aerobe Keimzahl

4.1.1.1. Ergebnisse für Betrieb 1 (Brühtankbrüfung)

Abbildung 4-1 und Tabelle 4-1 stellen die Ergebnisse der Keimzahlbestimmung im 1. Betrieb dar.

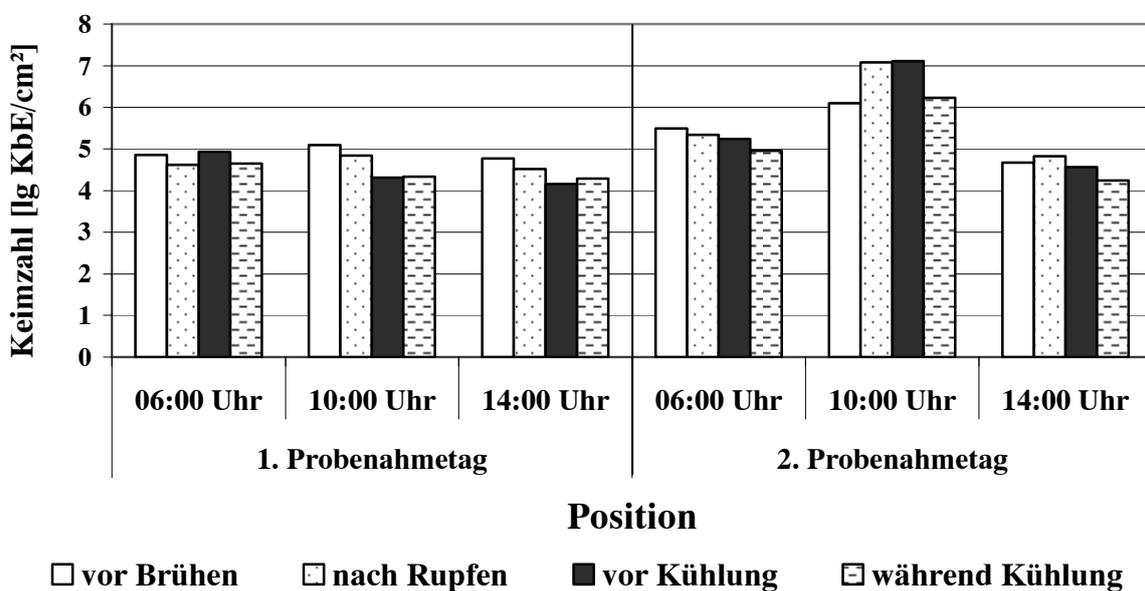


Abb. 4-1: Betrieb 1, Brühtankbrüfung – aerobe Keimzahl (je Position und Uhrzeit n=7)

Im 1. Betrieb lagen die Werte der Keimzahlen relativ eng beieinander. Zwischen den einzelnen Positionen gab es geringe Unterschiede. So war viermal ein leichter Abfall zwischen den Positionen „vor dem Brühen“ und „nach dem Rupfen“ zu erkennen. Der Vergleich des zeitlichen Verlaufs der beiden Probenahmetage zeigte keine deutlichen Unterschiede.

Die Keimzahl lag im Durchschnitt zwischen lg 4 und 5. Es gab einen „Ausreißer“ bei der Probenahme um 10 Uhr am zweiten Probenahmetag, bei der die Werte an allen vier Positionen um 1-2 Logarithmusstufen höher lagen als die Werte an den anderen Positionen und Zeiten.

Tab. 4-1: Aerobe Keimzahl [lg KbE/cm²], Betrieb 1 (Brühtankbrüfung)

Position (je Position n=7)	Mittelwert [lg KbE/cm ²]							
	1. Probenahmetag				2. Probenahmetag			
	06:00 Uhr	10:00 Uhr	14:00 Uhr	Ø	06:00 Uhr	10:00 Uhr	14:00 Uhr	Ø
vor Brühen	4,85	5,09	4,77	4,9	5,52	6,1	4,67	5,43
nach Rupfen	4,62	4,84	4,52	4,66	5,34	7,08	4,82	5,75
vor Kühlung	4,93	4,31	4,16	4,47	5,24	7,11	4,56	5,64
während Kühlung	4,65	4,33	4,29	4,42	4,95	6,23	4,24	5,14

*: Die Doppelpfeile markieren signifikante Stellen.

4.1.1.2. Ergebnisse von Betrieb 2 (Dampfbrüfung)

Abbildung 4-2 und Tabelle 4-2 sind die Ergebnisse der GKZ des 2. Betriebes zu entnehmen.

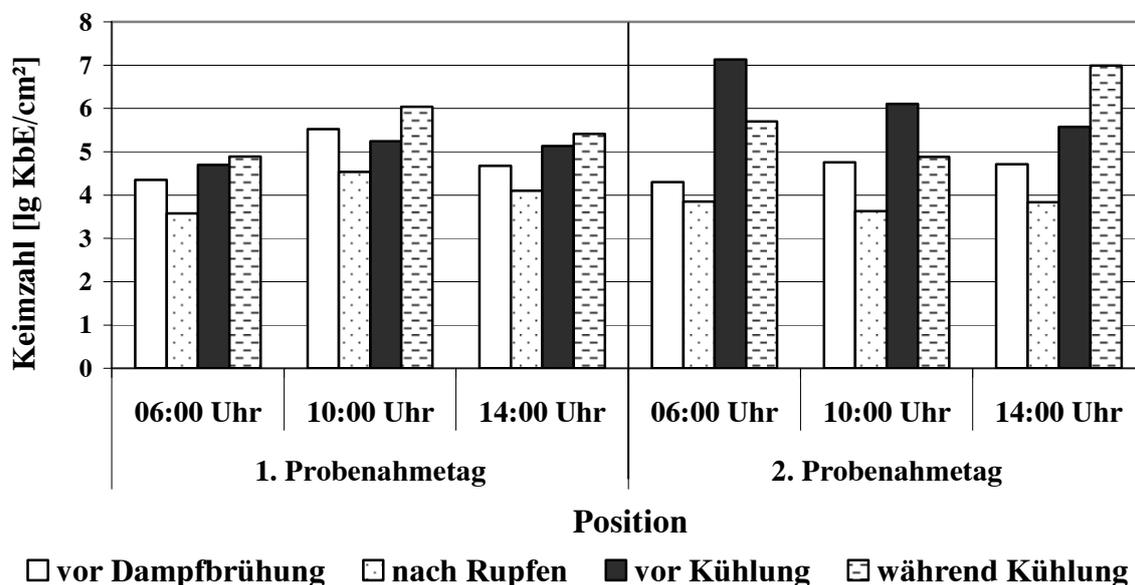


Abb. 4-2: Betrieb 2, Dampfbrüfung – aerobe Keimzahl (je Position und Uhrzeit n=7)

Im zweiten Betrieb fällt auf, dass die Höhe der Keimzahl zwischen den einzelnen Positionen schwankte. So war ein einheitlicher Abfall um 0,5 bis 1,0 Logarithmusstufe zwischen den Positionen „vor der Dampfbrüfung“ und „nach dem Rupfen“ zu vermerken. Zur Position „vor

dem Kühlen“ stiegen die Werte deutlich um lg 1-3 an. Die wenigsten positiven Befunde wurden in diesem Betrieb an der Position „nach dem Rupfen“ gefunden. Zwischen den Positionen „vor dem Kühlen“ und „während des Kühlens“ waren sowohl Anstiege als auch Abfälle der Keimzahlen zu beobachten.

Tab. 4-2: Aerobe Keimzahl [lg KbE/cm²], Betrieb 2 (Dampfbrüfung)

Position (je Position n=7)	Mittelwert [lg KbE/cm ²]							
	1. Probenahmetag				2. Probenahmetag			
	06:00 Uhr	10:00 Uhr	14:00 Uhr	Ø	06:00 Uhr	10:00 Uhr	14:00 Uhr	Ø
vor Dampfbrüfung	4,35	5,52	4,68	4,85	4,3	4,76	4,71	4,59
nach Rupfen	3,58	4,54	4,1	4,07	3,78	3,63	3,84	3,75
vor Kühlung	4,7	5,24	5,13	5,02	7,13	6,1	5,57	6,27
während Kühlung	4,89	6,04	5,41	5,45	5,7	4,88	6,99	5,86

*: Doppelpfeile und Fettdruck markieren signifikante Stellen.

4.1.1.3. Statistische Auswertung

Zur besseren Übersicht sind die signifikanten Werte in den Tabellen 4-1 und 4-2 fett gedruckt und mit Doppelpfeilen markiert.

Im 1. Betrieb unterscheidet sich die durchschnittliche Keimzahl am 1. Probenahmetag um 10 Uhr und um 14 Uhr signifikant zwischen den Positionen „nach dem Rupfen“ und „vor dem Kühlen“. Am 2. Probenahmetag waren die um 10 Uhr gefundenen Werte signifikant zwischen den Positionen „vor dem Brühen“ und „nach dem Rupfen“ sowie „vor dem Kühlen“ und „während des Kühlens“.

Im 2. Betrieb gab es signifikante Werte zwischen den Positionen „vor dem Brühen“ und „nach dem Rupfen“ am 1. Probenahmetag um 10 Uhr sowie zu allen drei Probenahmezeitpunkten am 2. Probenahmetag. Zwischen den Positionen „nach dem Rupfen“ und „vor dem Kühlen“ lag die Signifikanz an beiden Probenahmetagen zu allen drei Probenahmezeitpunkten vor. Dies war an den Positionen „vor dem Kühlen“ und „während

des Kühlens“ am 1. Probenahmetag nur um 10 Uhr und am 2. Probenahmetag um 6 Uhr und um 14 Uhr gegeben.

Wenn man den gesamten Fleischgewinnungsprozess betrachtet, also die Positionen „vor dem Brühen“ und „während des Kühlens“, zeigen sich signifikante durchschnittliche Gesamtkeimzahlen im 1. Betrieb am 1. Probenahmetag um 10 Uhr und am 2. Probenahmetag um 6 Uhr und um 14 Uhr. Im 2. Betrieb ist dies um 10 Uhr und 14 Uhr am 1. Probenahmetag sowie am 2. Probenahmetag um 6 Uhr und um 14 Uhr der Fall.

4.1.2. Ergebnisse der Untersuchung auf *Salmonella*

4.1.2.1. Ergebnisse aus Betrieb 1 (Brühtankbrühung)

Ein Verlauf der *Salmonella*-Werte in Abhängigkeit von der Tageszeit war nicht zu erkennen.

Das Ergebnis der Untersuchung der Hautproben auf *Salmonella* ist für Betrieb 1 in Abbildung 4-3 dargestellt.

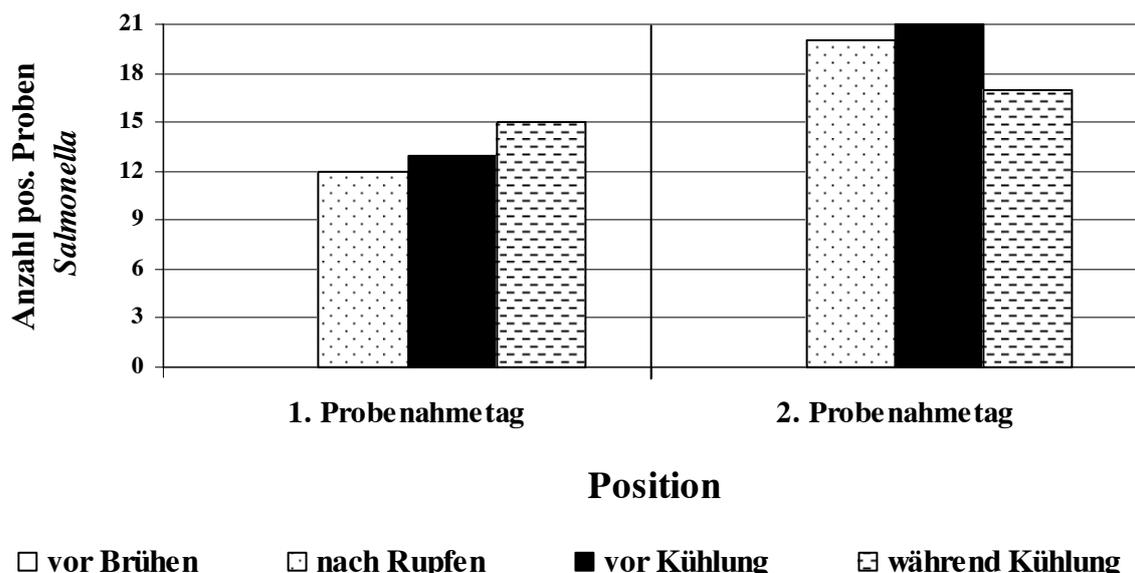


Abb. 4-3: Betrieb 1, Brühtankbrühung – *Salmonella* (je Position n=21)

Im ersten Betrieb konnten auf der Halshaut zu Beginn des Schlachtprozesses keine Salmonellen nachgewiesen werden. An allen drei folgenden Positionen wurden Salmonellen gefunden. Während des 1. Probenahmetages stieg die Anzahl positiver *Salmonella*-Befunde an den drei Positionen kontinuierlich. Beim 2. Probenahmetag nahm die Anzahl positiver Proben nach dem vorherigen Anstieg während des Kühlens ab. Insgesamt ließen sich auf 98 der beprobten 168 Tierkörper (58 %) Salmonellen isolieren.

4.1.2.1.1. *Salmonella*-Serovaren

Bei der Serotypisierung traten 6 unterschiedliche *Salmonella*-Serovarietäten auf (*S. Typhimurium*, *S. Indiana*, *S. Agona*, *S. Heidelberg*, *S. der Gruppe B* und *S. Saintpaul*). Am häufigsten vertreten waren *S. Indiana* und *S. Typhimurium*. Die Verteilung im Einzelnen ist in Tabelle 4-3 wiedergegeben.

Tab. 4-3: Serovaren von *Salmonella*, Betrieb 1 (Brühtankbrühung)

Position (je Position n=21)	Häufigkeit positiver Proben						Σ
	<i>S. Indiana</i>	<i>S. Typhimurium</i>	<i>S. Agona</i>	<i>S. Heidelberg</i>	<i>S. der Gruppe B</i>	<i>S. Saintpaul</i>	
1. Probenahmetag							
vor Brühen	-	-	-	-	-	-	0
nach Rupfen	7	3	2	-	-	-	12
vor Kühlung	7	3	2	1	-	-	13
während Kühlung	6	8	1	-	-	-	15
2. Probenahmetag							
vor Brühen	-	-	-	-	-	-	0
nach Rupfen	14	1	2	2	-	1	20
vor Kühlung	11	5	1	1	2	1	21
während Kühlung	14	2	-	1	-	-	17

4.1.2.2. Ergebnisse von Betrieb 2 (Dampfbrühung)

In Abbildung 4-4 ist das Untersuchungsergebnis bezüglich *Salmonella* für Betrieb 2 dargestellt.

Es wurden insgesamt deutlich weniger Salmonellen nachgewiesen als im ersten Betrieb. Auf 37 Tierkörpern (22 %) wurde *Salmonella* isoliert. Es zeigten sich deutliche Unterschiede zwischen den Positionen. Insbesondere am 1. Probenahmetag nahm die Anzahl positiver *Salmonella*-Proben zwischen den Positionen „vor dem Brühen“ und „nach dem Rupfen“ ab. In der Folge kam es zu einem Anstieg und während des Kühlens erneut zu einer Abnahme.

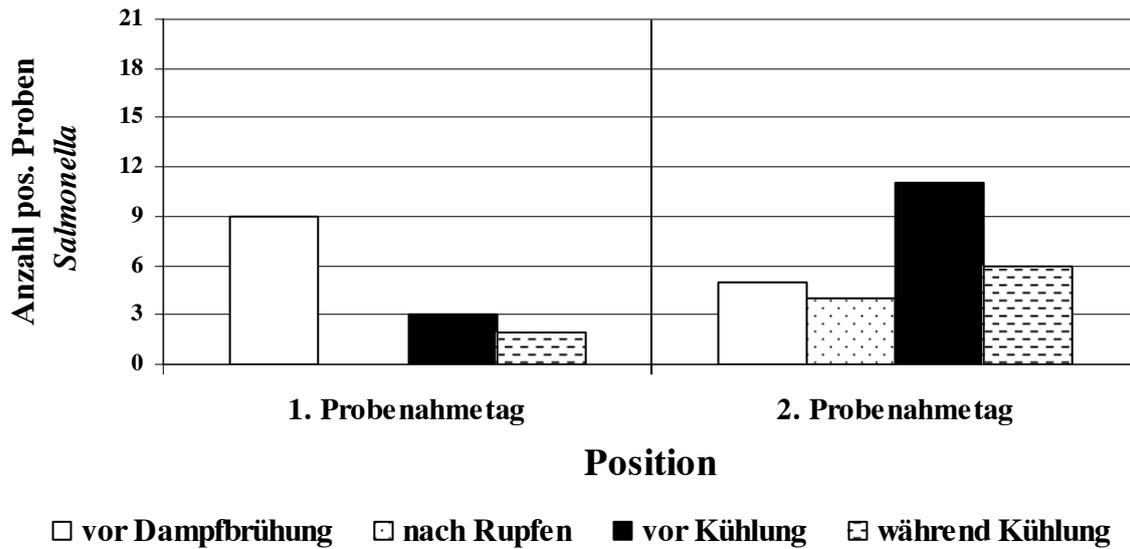


Abb. 4-4: Betrieb 2, Dampfbrüfung – *Salmonella* (je Position n=21)

4.1.2.2.1. *Salmonella*-Serovaren

Tab. 4-4: Serovaren von *Salmonella*, Betrieb 2 (Dampfbrüfung)

Position (je Position n=21)	Häufigkeit positiver Proben						Σ
	S. Indiana	S. Typhimurium	S. Agona	S. Heidelberg	S. der Gruppe B	S. Saintpaul	
1. Probenahmetag							
vor Dampfbrüfung	-	-	-	7	-	-	7
nach Rupfen	-	-	-	-	-	-	0
vor Kühlung	-	-	-	3	-	-	3
während Kühlung	-	-	-	-	-	2	2
2. Probenahmetag							
vor Dampfbrüfung	-	4	-	1	-	-	5
nach Rupfen	-	3	-	1	-	-	4
vor Kühlung	-	9	-	2	-	-	11
während Kühlung	-	1	-	4	-	-	5

In der weiteren Differenzierung wurden insgesamt drei verschiedene *Salmonella*-Serovarietäten identifiziert. Hier waren am häufigsten *S. Typhimurium* und *S. Heidelberg* vertreten (Tab. 4-4).

4.1.3. Ergebnisse der Untersuchung auf *Campylobacter*

Ebenso wie bei der Untersuchung auf *Salmonella* war bei den *Campylobacter*-Ergebnissen ein Verlauf in Abhängigkeit von der Tageszeit nicht darstellbar.

4.1.3.1. Ergebnisse aus Betrieb 1 (Brühtankbrühung)

Im 1. Betrieb zeigten insgesamt 42 % der untersuchten Proben ein positives *Campylobacter*-Ergebnis. An der Position „vor dem Brühen“ waren nur wenige Proben positiv, während an den folgenden Positionen vermehrt *Campylobacter* nachzuweisen war. An der Position „nach dem Rupfen“ wurden an beiden Probenahmetagen am häufigsten positive Proben registriert. Allgemein waren am 2. Probenahmetag deutlich mehr positive Proben zu verzeichnen.

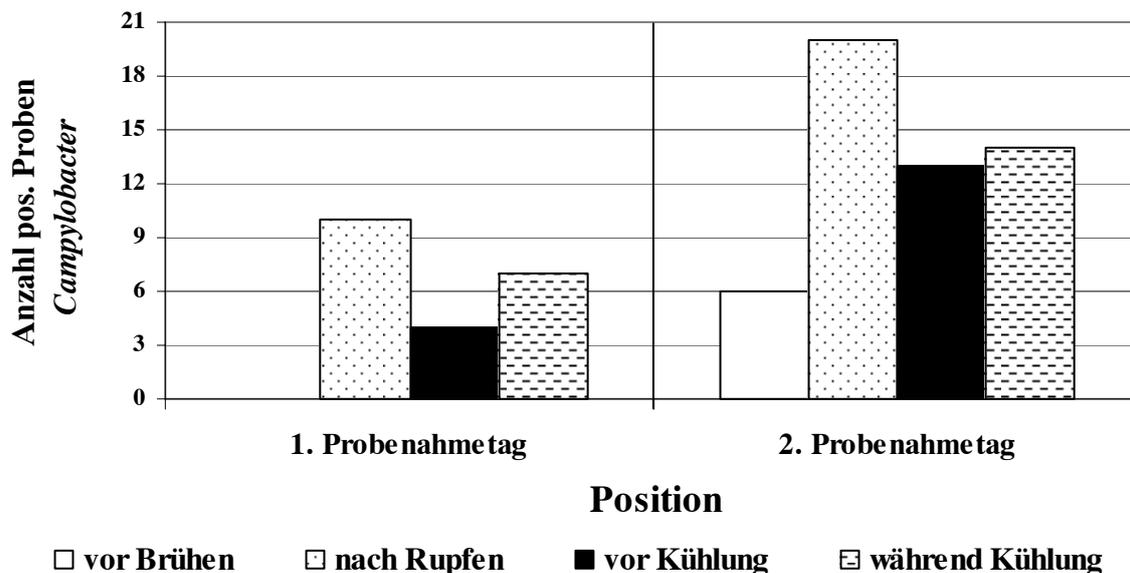
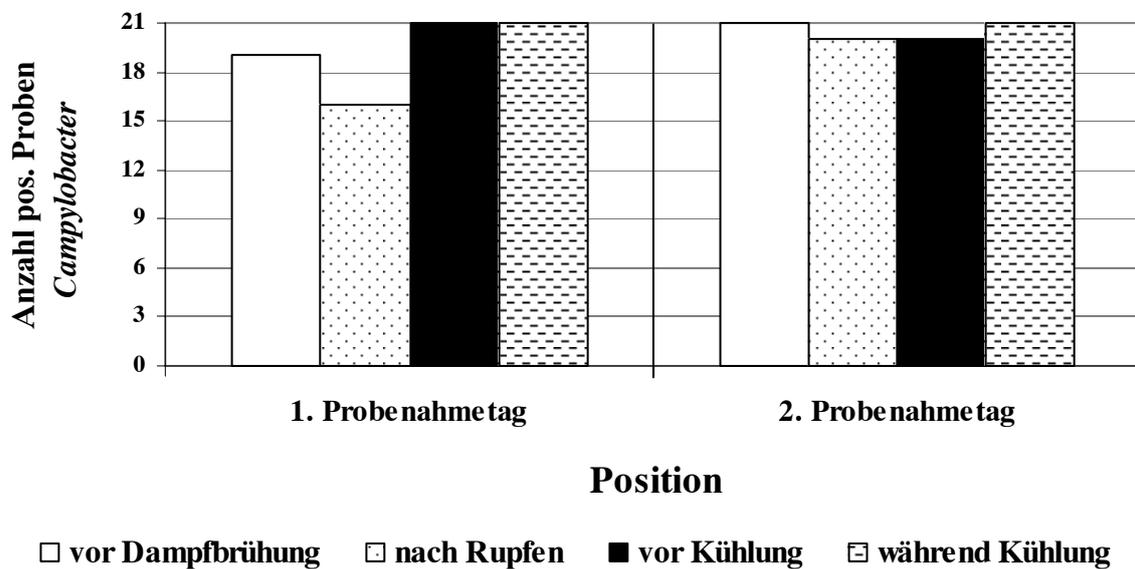


Abb. 4-5: Betrieb 1, Brühtankbrühung – *Campylobacter* (je Position n=21)

Bei der Speziesdifferenzierung zeigte sich, dass *C. jejuni* häufiger auftrat als *C. coli*. *C. lari* wurde in diesem Betrieb nicht gefunden. Bei den übrigen Isolaten handelte es sich nicht um die drei vorgenannten Spezies. Eine weitere Differenzierung wurde nicht vorgenommen. Sie wurden als *C. spp.* bezeichnet.

Tab. 4-5: Auftreten von *Campylobacter* in Betrieb 1 (Brütankbrühung)

Position (je Position n=21)	Häufigkeit positiver Proben				
	<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>	<i>C. lari</i>	<i>C. spp.</i>	Σ
1. Probenahmetag					
vor Brühen	-	-	-	-	0
nach Rupfen	1	2	-	7	10
vor Kühlung	2	-	-	2	4
während Kühlung	2	-	-	5	7
2. Probenahmetag					
vor Brühen	5	-	-	1	6
nach Rupfen	8	1	-	11	20
vor Kühlung	8	1	-	4	13
während Kühlung	2	3	-	9	14

4.1.3.2. Ergebnisse aus Betrieb 2 (Dampfbrühung)**Abb. 4-6: Betrieb 2, Dampfbrühung – *Campylobacter* (je Position n=21)**

Im 2. Betrieb konnte *Campylobacter* durchgehend an jeder Position in hoher Anzahl nachgewiesen werden. Insgesamt waren 89 % der Proben positiv.

Nach der Häufigkeit ihres Auftretens zeigte sich bei der Speziesdifferenzierung die Reihenfolge *C. jejuni* vor *C. coli* und *C. lari*. Bei den übrigen Isolaten handelte es sich nicht um die drei vorgenannten Spezies.

Tab. 4-6: Auftreten von *Campylobacter* in Betrieb 2 (Dampfbrühung)

Position (je Position n=21)	Häufigkeit positiver Proben				
	<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>	<i>C. lari</i>	<i>C. spp.</i>	Σ
1. Probenahmetag					
vor Dampfbrühung	12	1	1	5	19
nach Rupfen	2	-	-	14	16
vor Kühlung	2	-	-	19	21
während Kühlung (n=20)	3	-	2	15	20
2. Probenahmetag					
vor Dampfbrühung	7	6	-	8	21
nach Rupfen	6	7	5	2	20
vor Kühlung	7	7	2	4	20
während Kühlung	7	7	1	6	21

4.2. Ergebnisse der molekularbiologischen Untersuchungen

4.2.1. Salmonella

Alle gewonnenen *Salmonella*-Isolate wurden mit dem Restriktionsenzym *Xba*I einer Makrorestriktionsanalyse unterzogen. Die Restriktionsfragmente wurden danach mittels PFGE dargestellt.

Dabei fiel auf, dass zwei Bandenmuster (X-2-1 und X-2-4) bei der Serovar *S. Typhimurium* und *S. Heidelberg* und ein anderes Bandenmuster (X-2-2) bei *S. Saintpaul* und *S. Heidelberg* auftraten.

Um eventuell weitere genetische Unterschiede zwischen den einzelnen Stämmen nachweisen zu können, wurden die *S. Indiana*-Isolate (Alle 59 Isolate zeigten dasselbe Bandenmuster.)

und die Isolate, die speziesübergreifend dasselbe Bandenmuster zeigten, mit einem weiteren Restriktionsenzym (*SpeI*) untersucht.

Auch hier traten Bandenmuster bei mehreren Serovaren auf: Sp-1 und Sp-1-2 bei *S. Heidelberg* und *S. Typhimurium*, Sp-1-4 bei *S. Heidelberg* und *S. Saintpaul*.

In Tabelle 4-7 sind die erhaltenen Bandenmuster aufgelistet.

Tab. 4-7: Auflistung der bei *Salmonella* aufgetretenen Bandenmuster

Serovar (konventionelle Untersuchung)	Bandenmuster (PFGE nach Restriktionsverdau)		Anzahl der Isolate
	<i>XbaI</i>	<i>SpeI</i>	
<i>S. Agona</i>	X-5	-	5
<i>S. Agona</i>	X-6	-	3
<i>S. der Gruppe B</i>	X-7	-	2
<i>S. Heidelberg</i>	X-2	-	8
<i>S. Heidelberg</i>	X-2-1	Sp-1-2	10
<i>S. Heidelberg</i>	X-2-2	Sp-1-3	2
<i>S. Heidelberg</i>	X-2-2	Sp-1-4	1
<i>S. Heidelberg</i>	X-2-3	-	1
<i>S. Heidelberg</i>	X-2-4	Sp-1	1
<i>S. Saintpaul</i>	X-2-2	Sp-1-4	1
<i>S. Saintpaul</i>	X-9	-	1
<i>S. Saintpaul</i>	X-10	-	2
<i>S. Indiana</i>	X-4	Sp-3	59
<i>S. Typhimurium</i>	X-1	-	19
<i>S. Typhimurium</i>	X-2-1	Sp-1-2	7
<i>S. Typhimurium</i>	X-2-4	Sp-1	3
<i>S. Typhimurium</i>	X-3	-	6
<i>S. Typhimurium</i>	X-8	-	4

Der 2. Restriktionsverdau ermöglichte in einem Fall eine weitergehende Differenzierung (vgl. Tab. 4-8). Im 1. Betrieb wurde in der 3. Sendung des 2. Probenahmetages dreimal *S. Heidelberg* isoliert. Eines dieser Isolate lieferte ein anderes Bandenmuster als die beiden

übrigen Isolate nach der Verdauung mit dem Restriktionsenzym *SpeI*. Das Isolat L 642/145 ist somit nicht mit den beiden anderen identisch.

In allen anderen Fällen führten die neuen Bandenmuster zu keiner anderen Einteilung der *Salmonella*-Stämme (vgl. Anhang 9.3).

Tab. 4-8: unterschiedliche *Salmonella*-Stämme nach der 2. Restriktionsverdauung

Proben-Nr.	Probenahme- datum	PFGE		Stamm- bezeichnung
		<i>XbaI</i>	<i>SpeI</i>	
S. Heidelberg (Betrieb 1, 2. Probenahmetag)				
L 639/142	nR ; 14:05 Uhr	X-2-2	Sp-1-3	K (<i>S. Heidelberg</i>)
L 642/145		X-2-2	Sp-1-4	L (<i>S. Heidelberg</i>)
L 598/101	wK ; 15:00 Uhr	X-2-2	Sp-1-3	K (<i>S. Heidelberg</i>)

Die folgenden Tabellen 4-9 bis 4-12 zeigen, ob und welche identischen Stämme im Prozessverlauf auftraten.

4.2.1.1. Ergebnisse aus Betrieb 1 (Brühtankbrüfung)

Die folgende Tabelle zeigt tabellarisch den 1. Probenahmetag in Betrieb 1.

Hier konnten an den drei Positionen „nach dem Rufen“, „vor der Kühlung“ und „während der Kühlung“ drei verschiedene Stämme von *S. Indiana* aufgefunden werden. Der mit „o“ bezeichnete Stamm trat an der Position „vor dem Kühlen“ nicht nur in der 1. Sendung, sondern auch in den beiden folgenden auf.

Ebenfalls in der 1. Sendung ließ sich ein Stamm von *S. Agona* an den drei Positionen „nach dem Rufen“, „vor der Kühlung“ und „während der Kühlung“ nachweisen.

Der Stamm „q“ von *S. Typhimurium* ließ sich an der Position „während der Kühlung“ in der 1. und 2. Sendung, sowie in der 3. Sendung an den Positionen „nach dem Rufen“ und „vor der Kühlung“ isolieren.

Tab. 4-9: Auftreten von als identisch definierten *Salmonella*-Stämmen in Betrieb 1 (Brühtankbrühung) am 1. Probenahmetag

		Betrieb 1			
		vor Brühen	nach Rupfen	vor Kühlung	während Kühlung
Tag 1	1. Sendung (6 Uhr)		o n p (S.In) → a b (S.Ag) →	x (S.Tm) o n p (S.In) → a b (S.Ag) →	q (S.Tm) o n p (S.In) a (S.Ag)
	2. Sendung (10 Uhr)		y (S.Tm) n (S.In)	H (S.Grp.B) o (S.In) j (S.Hei)	q r s t (S.Tm)
	3. Sendung (14 Uhr)		q u (S.Tm) →	q s (S.Tm) o (S.In)	t v (S.Tm) z (S.Tm)

S. Tm = *S. Typhimurium*, S. In = *S. Indiana*, S. Hei = *S. Heidelberg*, S. Ag = *S. Agona*, S. Grp. B = *S. der Gruppe B*, S. Saint = *S. Saintpaul*

Buchstabenkennzeichnung: siehe Anhang 9.3

Fettdruck: Der Stamm trat mehrfach auf.

gerade Pfeile: Vorkommen des Stammes an den einzelnen Probenahmepositionen (räumliche Komponente)

gebogene Pfeile: Auftreten des Stammes während des Probenahmetages und somit sein Vorkommen in mehreren Sendungen (zeitlicher Aspekt)

Am 2. Probenahmetag konnte der Stamm „o“ von *S. Indiana* an den drei verbliebenen Positionen in der 1., 2. und 3. Sendung nachgewiesen werden, während Stamm „n“ an zwei Positionen ebenfalls in allen drei Sendungen isoliert werden konnte. Stamm „p“ trat in der 1. Sendung an zwei Positionen und in der 2. Sendung an einer Position auf.

Ein Stamm von *S. Heidelberg* wurde in der 3. Sendung an den Positionen „nach dem Rupfen“ und „während der Kühlung“ isoliert.

An der Position „vor der Kühlung“ in der 1. Sendung und an den Positionen „vor und während der Kühlung“ in der 3. Sendung trat Stamm „q“ von *S. Typhimurium* auf. Ein anderer Stamm von *S. Typhimurium* trat an der Position „vor der Kühlung“ in der 2. und 3. Sendung auf.

Die Stämme „o“ und „n“ von *S. Indiana* sowie Stamm „q“ von *S. Typhimurium* kamen an beiden Probenahmetagen mehrmals vor.

Tab. 4-10: Auftreten von als identisch definierten *Salmonella*-Stämmen in Betrieb 1 (Brühtankbrüfung) am 2. Probenahmetag

		Betrieb 1			
		vor Brühen	nach Rufen	vor Kühlung	während Kühlung
Tag 2	1. Sendung (6 Uhr)		w (S.Tm) o n p (S.In) →	q (S.Tm) o n (S.In) c (S.Ag) l (S.Hei)	s (S.Tm) o p (S.In)
	2. Sendung (10 Uhr)		o n p (S.In) → c (S.Ag)	s (S.Tm) o n (S.In) →	o n (S.In)
	3. Sendung (14 Uhr)		o n (S.In) → k L (S.Hei) I (S.Saint)	s q t (S.Tm) → o n (S.In) → J (S.Saint)	q (S.Tm) o (S.In) k (S.Hei)

S. Tm = *S. Typhimurium*, S. In = *S. Indiana*, S. Hei = *S. Heidelberg*, S. Ag = *S. Agona*, S. Grp. B = *S. der Gruppe B*, S. Saint = *S. Saintpaul*

Buchstabenkennzeichnung: siehe Anhang 9.3

Fettdruck: Der Stamm trat mehrfach auf.

gerade Pfeile: Vorkommen des Stammes an den einzelnen Probenahmepositionen (räumliche Komponente)

gebogene Pfeile: Auftreten des Stammes während des Probenahmetages und somit sein Vorkommen in mehreren Sendungen (zeitlicher Aspekt)

4.2.1.2. Ergebnisse aus Betrieb 2 (Dampfbrüfung)

Die Tabellen 4-11 und 4-12 stellen die Situation in Betrieb 2 dar.

Am 1. Probenahmetag konnten drei verschiedene Stämme von *S. Heidelberg* verfolgt werden. Während Stamm „f“ in der 1. und 2. Sendung an der Position „vor der Dampfbrüfung“ nachgewiesen wurde, trat der mit „e“ bezeichnete Stamm in der 1. Sendung an der Stelle „vor der Dampfbrüfung“ und in der 2. Sendung an der Position „vor der Kühlung“ auf. Der 3. Stamm war an der Stelle „vor der Kühlung“ in der 1. und 2. Sendung nachzuweisen. Ein Stamm von *S. Saintpaul* trat „während der Kühlung“ in der 1. und 3. Sendung auf.

Tab. 4-11: Auftreten von als identisch definierten *Salmonella*-Stämmen in Betrieb 2 (Dampfbrühung) am 1. Probenahmetag

		Betrieb 2			
		vor Dampfbrühung	nach Rupfen	vor Kühlung	während Kühlung
Tag 1	1. Sendung (6 Uhr)	e (S.Hei) f (S.Hei)		g (S.Hei)	K (S.Saint)
	2. Sendung (10 Uhr)	f (S.Hei)		g (S.Hei) e (S.Hei)	
	3. Sendung (14 Uhr)				K (S.Saint)

S. Tm = *S. Typhimurium*, S. In = *S. Indiana*, S. Hei = *S. Heidelberg*, S. Ag = *S. Agona*, S. Grp. B = *S. der Gruppe B*, S. Saint = *S. Saintpaul*

Buchstabenkennzeichnung: siehe Anhang 9.3

Fettdruck: Der Stamm trat mehrfach auf.

gerade Pfeile: Vorkommen des Stammes an den einzelnen Probenahmepositionen (räumliche Komponente)

gebogene Pfeile: Auftreten des Stammes während des Probenahmetages und somit sein Vorkommen in mehreren Sendungen (zeitlicher Aspekt)

Am 2. Probenahmetag traten zwei Stämme von *S. Typhimurium* auf: Stamm „F“ in der 1. Sendung an den Positionen „nach dem Rupfen“ und „vor der Kühlung“, der andere (Stamm „B“) in der 2. Sendung an den Stellen „vor der Dampfbrühung“ und „vor der Kühlung“ sowie in der 3. Sendung an der Stelle „nach dem Rupfen“.

An den Positionen „vor und während der Kühlung“ wurde in der 1. Sendung ein Stamm von *S. Heidelberg* nachgewiesen, während ein weiterer Stamm an der Position „während der Kühlung“ in der 1. und 2. Sendung vorkam. Der letztgenannte war bereits am 1. Probenahmetag aufgetreten.

Tab. 4-12: Auftreten von als identisch definierten *Salmonella*-Stämmen in Betrieb 2 (Dampfbrühung) am 2. Probenahmetag

		Betrieb 2			
		vor Dampfbrühung	nach Rupfen	vor Kühlung	während Kühlung
Tag 2	1. Sendung (6 Uhr)		F (S.Tm) i (S.Hei)	F G (S.Tm) h (S.Hei)	A (S.Tm) h (S.Hei) g (S.Hei)
	2. Sendung (10 Uhr)	B D (S.Tm) i (S.Hei)		B (S.Tm)	g (S.Hei)
	3. Sendung (14 Uhr)		B (S.Tm)	C E (S.Tm) g (S.Hei)	m (S.Hei)

S. Tm = *S. Typhimurium*, S. In = *S. Indiana*, S. Hei = *S. Heidelberg*, S. Ag = *S. Agona*, S. Grp. B = *S. der Gruppe B*, S. Saint = *S. Saintpaul*

Buchstabenkennzeichnung: siehe Anhang 9.3

Fettdruck: Der Stamm trat mehrfach auf.

gerade Pfeile: Vorkommen des Stammes an den einzelnen Probenahmepositionen (räumliche Komponente)

gebogene Pfeile: Auftreten des Stammes während des Probenahmetages und somit sein Vorkommen in mehreren Sendungen (zeitlicher Aspekt)

4.2.2. *Campylobacter*

Eine Auswahl der *Campylobacter*-Isolate wurde molekularbiologisch geprüft. Hierzu wurden Isolate ausgewählt, bei denen die Bestimmung der Spezies vorlag. Diese Isolate wurden mit den Restriktionsenzymen *SmaI* und *KpnI* einer Makrorestriktionsanalyse unterzogen. Die Restriktionsfragmente wurden dann mittels PFGE dargestellt.

Dabei fiel auf, dass das Bandenmuster Sma-2-2 bei den Spezies *C. jejuni* und *C. lari* und das Bandenmuster Sma-21 bei *C. coli* und *C. lari* auftrat. Bei dem Restriktionsverdau mit *KpnI* kam das Bandenmuster Kpn-2 bei zwei verschiedenen Spezies vor (*C. jejuni* und *C. lari*).

In der folgenden Tabelle sind die erhaltenen Bandenmuster in Kombination mit der Spezies aufgeführt.

Tab. 4-13: Auflistung der als identisch definierten *Campylobacter*-Stämme

Spezies (konventionelle Untersuchung)	Bandenmuster (PFGE nach Restriktionsverdau)		Buchstaben- kennzeichnung	Anzahl der Isolate
	<i>Sma</i> I	<i>Kpn</i> I		
<i>C. jejuni</i>	Sma-1	Kpn-1	a	5
<i>C. jejuni</i>	Sma-2	Kpn-2	b	6
<i>C. jejuni</i>	Sma-2	Kpn-10	c	2
<i>C. jejuni</i>	Sma-2-1	Kpn-3	d	11
<i>C. jejuni</i>	Sma-2-1	Kpn-10	e	1
<i>C. jejuni</i>	Sma-3	Kpn-4	g	7
<i>C. jejuni</i>	Sma-2-2	Kpn-2	f	14
<i>C. jejuni</i>	Sma-4	Kpn-5	h	1
<i>C. jejuni</i>	Sma-10	Kpn-9	j	5
<i>C. jejuni</i>	Sma-10-1	Kpn-9	k	1
<i>C. jejuni</i>	Sma-12	Kpn-12	l	1
<i>C. jejuni</i>	Sma-12	Kpn-17	m	1
<i>C. jejuni</i>	Sma-13	Kpn-16	n	1
<i>C. jejuni</i>	Sma-13	Kpn-28	o	2
<i>C. jejuni</i>	Sma-15	Kpn-19	p	2
<i>C. jejuni</i>	Sma-16	Kpn-20	q	3
<i>C. jejuni</i>	Sma-18	Kpn-10	t	1
<i>C. jejuni</i>	Sma-16	Kpn-20-1	r	1
<i>C. jejuni</i>	Sma-17	Kpn-15	s	1
<i>C. jejuni</i>	Sma-23	Kpn-25	u	2
<i>C. jejuni</i>	Sma-25	Kpn-10	v	1
<i>C. jejuni</i>	Sma-26	Kpn-15	w	1
<i>C. jejuni</i>	Sma-27	Kpn-4-1	x	1
<i>C. coli</i>	Sma-5	Kpn-6	i	1
<i>C. coli</i>	Sma-7	Kpn-8	A	1
<i>C. coli</i>	Sma-11	Kpn-23	B	7
<i>C. coli</i>	Sma-14-1	Kpn-27	C	1
<i>C. coli</i>	Sma-19	Kpn-22	D	1

Spezies (konventionelle Untersuchung)	Bandenmuster (PFGE nach Restriktionsverdau)		Buchstaben- kennzeichnung	Anzahl der Isolate
	<i>SmaI</i>	<i>KpnI</i>		
<i>C. coli</i>	Sma-20	Kpn-29	E	1
<i>C. coli</i>	Sma-20	Kpn-30	F	1
<i>C. coli</i>	Sma-21	Kpn-23	G	17
<i>C. coli</i>	Sma-21-1	Kpn-23	H	1
<i>C. coli</i>	Sma-29	Kpn-23	I	1
<i>C. lari</i>	Sma-2-2	Kpn-2	J	1
<i>C. lari</i>	Sma-9	Kpn-13	K	2
<i>C. lari</i>	Sma-14	Kpn-18	L	5
<i>C. lari</i>	Sma-21	Kpn-11	M	1
<i>C. lari</i>	Sma-22	Kpn-24	N	1
<i>C. lari</i>	Sma-24	Kpn-26	O	1

Die Tabellen 4-14 bis 4-17 geben wieder, wo als identisch definierte Stämme im Prozessverlauf auftraten. Dargestellt sind nur die Stämme, die mehrfach auftraten.

4.2.2.1. Ergebnisse aus Betrieb 1 (Brühtankbrüfung)

Die folgende Tabelle zeigt die Ergebnisse des 1. Probenahmetages in Betrieb 1.

Es konnte ein identischer Stamm von *C. jejuni* in der 3. Sendung an den drei Positionen „nach dem Rupfen“, „vor der Kühlung“ und „während der Kühlung“ isoliert werden.

Tab. 4-14: Auftreten von als identisch definierten *Campylobacter*-Stämmen in Betrieb 1 (Brühtankbrühung) am 1. Probenahmetag

		Betrieb 1			
		vor Brühen	nach Rupfen	vor Kühlung	während Kühlung
Tag 1	1. Sendung (6 Uhr)				
	2. Sendung (10 Uhr)				
	3. Sendung (14 Uhr)		a (<i>C. jejuni</i>) →	a (<i>C. jejuni</i>) →	a (<i>C. jejuni</i>)

Buchstabenkennzeichnung: siehe Anhang 9.4

gerade Pfeile: Vorkommen des Stammes an den einzelnen Probenahmepositionen (räumliche Komponente)

gebogene Pfeile: Auftreten des Stammes während des Probenahmetages und somit sein Vorkommen in mehreren Sendungen (zeitlicher Aspekt)

Tab. 4-15: Auftreten von als identisch definierten *Campylobacter*-Stämmen in Betrieb 1 (Brühtankbrühung) am 2. Probenahmetag

		Betrieb 1			
		vor Brühen	nach Rupfen	vor Kühlung	während Kühlung
Tag 2	1. Sendung (6 Uhr)	g (<i>C. jejuni</i>) →	g (<i>C. jejuni</i>) →	g (<i>C. jejuni</i>)	
	2. Sendung (10 Uhr)			<u>b</u> (<i>C. jejuni</i>)	
	3. Sendung (14 Uhr)	d (<i>C. jejuni</i>) →	d (<i>C. jejuni</i>) →	d (<i>C. jejuni</i>)	

Buchstabenkennzeichnung: siehe Anhang 9.4

gerade Pfeile: Vorkommen des Stammes an den einzelnen Probenahmepositionen (räumliche Komponente)

gebogene Pfeile: Auftreten des Stammes während des Probenahmetages und somit sein Vorkommen in mehreren Sendungen (zeitlicher Aspekt)

Am 2. Probenahmetag wurden Vertreter zweier verschiedener Stämme von *C. jejuni* isoliert. Der mit „g“ bezeichnete Stamm trat in der 1. Sendung an den ersten drei Positionen auf, während der andere (mit „d“ bezeichnet) in der 3. Sendung an den genannten Positionen isoliert werden konnte. Der unterstrichene *C. jejuni*-Stamm (Buchstabe „b“) trat sowohl in Betrieb 1 als auch in Betrieb 2 am 2. Probenahmetag auf (vgl. Tab. 4-15 und 4-17).

4.2.2.2. Ergebnisse von Betrieb 2 (Dampfbrühung)

Im zweiten Betrieb stellte sich die Situation wie folgt dar (Tabellen 4-16 und 4-17).

Tab. 4-16: Auftreten von als identisch definierten *Campylobacter*-Stämmen in Betrieb 2 (Dampfbrühung) am 1. Probenahmetag

		Betrieb 2			
		vor Brühen	nach Rupfen	vor Kühlung	während Kühlung
Tag 1	1. Sendung (6 Uhr)				
	2. Sendung (10 Uhr)				
	3. Sendung (14 Uhr)	c j (<i>C. jejuni</i>)	→	j (<i>C. jejuni</i>)	c (<i>C. jejuni</i>)

Buchstabenkennzeichnung: siehe Anhang 9.4

gerade Pfeile: Vorkommen des Stammes an den einzelnen Probenahme-positionen (räumliche Komponente)

gebogene Pfeile: Auftreten des Stammes während des Probenahmetages und somit sein Vorkommen in mehreren Sendungen (zeitlicher Aspekt)

Am 1. Probenahmetag wurden in der 3. Sendung Vertreter zweier verschiedener Stämme von *C. jejuni* aufgefunden. Stamm „c“ trat an den Positionen „vor dem Brühen“ und „während der Kühlung“ auf. Ebenfalls an der 1. Position („vor dem Brühen“) wurde Stamm „j“ isoliert, der außerdem noch an der Position „vor der Kühlung“ auftrat.

Am 2. Probenahmetag wurden Vertreter dreier verschiedener Stämme von *C. jejuni* isoliert. Stamm „q“ trat dabei in der 1. Sendung an drei Positionen auf und zwar „vor dem Brühen“, „nach dem Rupfen“ und „während der Kühlung“. Stamm „u“ wurde an den ersten beiden

Positionen isoliert. Der 3. Stamm (Stamm „f“) wurde sowohl in der 1. Sendung an der Position „vor der Kühlung“ als auch in der 2. Sendung an den Positionen „nach dem Rupfen“ sowie „vor und während der Kühlung“ nachgewiesen.

Ein Stamm von *C. lari* wurde an den Positionen „nach dem Rupfen“ sowie „vor und während der Kühlung“ in der 1. Sendung isoliert. In der 3. Sendung wurde ein Stamm von *C. coli* an den Positionen „vor dem Brühen“, „nach dem Rupfen“ sowie „vor der Kühlung“ aufgefunden.

Tab. 4-17: Auftreten von als identisch definierten *Campylobacter*-Stämmen in Betrieb 2 (Dampfbrüfung) am 2. Probenahmetag

		Betrieb 2			
		vor Brühen	nach Rupfen	vor Kühlung	während Kühlung
Tag 2	1. Sendung (6 Uhr)	q u (<i>C. jejuni</i>)	q u (<i>C. jejuni</i>) L (<i>C. lari</i>)	L (<i>C. lari</i>) f (<i>C. jejuni</i>)	q (<i>C. jejuni</i>) L (<i>C. lari</i>)
	2. Sendung (10 Uhr)	b (<i>C. jejuni</i>)	f (<i>C. jejuni</i>)	f (<i>C. jejuni</i>)	f (<i>C. jejuni</i>)
	3. Sendung (14 Uhr)	G (<i>C. coli</i>)	G (<i>C. coli</i>)	G (<i>C. coli</i>)	

Buchstabenkennzeichnung: siehe Anhang 9.4

gerade Pfeile: Vorkommen des Stammes an den einzelnen Probenahme-positionen (räumliche Komponente)

gebogene Pfeile: Auftreten des Stammes während des Probenahmetages und somit sein Vorkommen in mehreren Sendungen (zeitlicher Aspekt)

5. Diskussion

5.1. Technischer Betriebsvergleich

Zum Zeitpunkt der Beprobung war die Struktur der beiden Betriebe vergleichbar. Beide arbeiteten mit Elektrobetäubung, hintereinander geschalteten Rupfmaschinen und Luftkühlung. Der Maschinisierungsgrad war in beiden Betrieben hoch, manuelle Arbeiten beschränkten sich auf wenige Bereiche wie beispielsweise den Entblutungsschnitt, die Untersuchung der Schlachttierkörper oder das Umhängen der Karkassen zur Kühlung. In Betrieb 1 wurden die Tiere auf der reinen Seite noch manuell in ein neues Band eingehängt. Unterschiedlich waren dagegen die Brühtechniken: Betrieb 1 arbeitete mit einem Brühtank, durch den die entbluteten Tiere mehrmals hindurchgeführt wurden. Im zweiten Betrieb war ein Dampfkabinett installiert, das die Puten einmalig in gerader Linie durchliefen und in dem sie heißem Wasserdampf ausgesetzt wurden (Abb. 5-1 und 5-2).

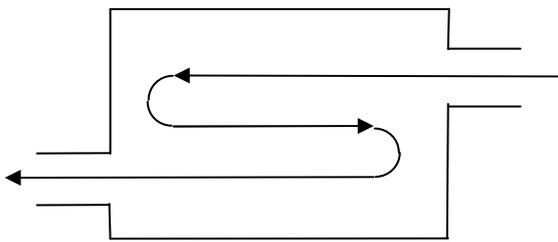


Abb. 5-1: Brühtank (Betrieb 1)

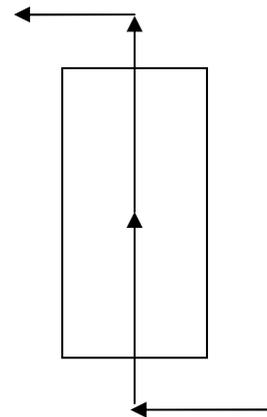


Abb. 5-2: Dampfkabinett (Betrieb 2)

5.2. Gewinnung des Probenmaterials

Bei den geschlachteten Tieren handelte es sich um Mastputen. Die Probenahme erfolgte über den ganzen Schlachttag verteilt. Aufgrund dieser Prämisse wurden Tierkörper untersucht, die zu diesem Zeitpunkt vor Ort waren, ohne auf deren Herkunft (Herden- bzw. Bestandsgröße, Managementfaktoren) zu achten. Es war sichergestellt, dass zu einem Untersuchungszeitpunkt an allen 4 Positionen Tiere aus demselben Bestand beprobt wurden.

Für die Entnahme der Halshaut sprachen die gute und schnelle Erreichbarkeit während des laufenden Betriebs sowie die Schonung wertvoller Fleischpartien. Da an den beiden letzten

Probenahmepositionen die Halshaut bereits vom Tierkörper entfernt war, wurde an diesen Stellen Haut vom Brusteingang entnommen, die zu diesem Zeitpunkt ebenfalls gut und schnell erreichbar war und im folgenden keiner starken mechanischen Belastung mehr ausgesetzt war.

Während der Aufzucht und Mast stellt die Halshaut eine durchschnittlich stark belastete Stelle dar. Während der Fleischgewinnung werden die Tiere an den Ständern in die Förderbänder gehängt, sie hängen somit nach unten, was die Halshaut in der Fleischgewinnung zu einer stark belasteten Stelle macht.

Die in der Literatur beschriebene Spülung der gesamten Karkasse bei Broilern (CASON et al. 1999; CASON et al. 2000; STERN et al. 2001; TRAMPEL et al. 2000) bzw. Hühnern (DICKINS et al. 2002) hat den Vorteil, dass der Keimstatus der gesamten Tierkörperoberfläche erfasst wird. Aufgrund der Größe und des Gewichts von Puten sowie der Probenahme ohne Unterbrechung des laufenden Betriebs und der räumlichen Gegebenheiten war diese Variante jedoch nicht praktikabel. Auch unter dem Aspekt, dass destruktive Entnahmetechniken exaktere quantitative Daten liefern als nichtdestruktive, bot es sich an, Halshaut zu entnehmen (VO (EG) 2073/2005).

Um den mikrobiellen Ausgangsstatus der Tiere zu Beginn der Fleischgewinnung zu erfassen, wurde die erste Probe vor dem Brühen genommen.

Die Hauptfragestellung befasst sich mit den Auswirkungen der unterschiedlichen Brühtechniken auf den Hygienestatus der Haut. Daher wurden Proben nach dem Rupfen entnommen. Eine Beprobung direkt nach dem Brühen war aufgrund der räumlichen Gegebenheiten in beiden Betrieben nicht möglich.

Zur Erfassung der Auswirkungen der gesamten Produktionsschritte wurden direkt vor dem Eintritt der Tierkörper in die Kühlung zum dritten Mal Hautproben entnommen.

Zum vierten Mal wurden während der Kühlung Proben gezogen. Bei der Beurteilung von Kühleffekten (Abtrocknung und Abkühlung der Tierkörperoberfläche) ist in dieser Untersuchung zu beachten, dass aus logistischen Gründen (große Entfernung zwischen Probenahmeort und Untersuchungslabor) die Proben ca. 50 – 60 Minuten nach Eintritt in die Kühlung genommen wurden und somit die genannten Effekte der Kühlung noch nicht zum Tragen kommen konnten. Diese Position stellt den Status der Karkassen am Ende der Technologie dar.

5.3. Untersuchungsmethoden

5.3.1. Nachweismethoden

5.3.1.1. Nachweis von *Salmonella*

In dieser Untersuchung wurde für die selektive Anreicherung die Kombination RV-Medium und Tetrathionat-Bouillon eingesetzt. Das RV-Medium ist in § 35 LMBG L 00.00-20 vorgeschrieben und erbringt hohe Salmonellennachweiskraten (ATANASSOVA et al. 1998; MÜLLER et al. 1997; WICHMANN-SCHAUER et al. 2000). Die Tetrathionat-Bouillon erbrachte höhere Nachweiskraten als die Selenit-Cystin-Bouillon (MÜLLER et al. 1997), was nicht überrascht, da die Selenit-Cystin-Bouillon insbesondere für den Nachweis von *S. Typhi* und *S. Paratyphi* entwickelt worden ist.

Die Entscheidung bei den Differenzialnährböden fiel auf den in § 35 LMBG L 00.00-20 vorgeschriebenen BPLS-Agar sowie den Rambach®-Agar. Der Rambach®-Agar wurde aufgrund der in der Literatur beschriebenen guten Ergebnisse ausgewählt (ATANASSOVA et al. 1998; MÜLLER et al. 1997; WEBER und WACHOWITZ 1994; WICHMANN-SCHAUER et al. 2000).

5.3.1.2. Nachweis von *Campylobacter*

Die selektive Anreicherung erfolgte mittels Preston-Bouillon. In dem Entwurf der DIN ISO DIS 10272 von 2004 wird als flüssige Anreicherung die Bolton-Bouillon genannt. In einer Untersuchung von BAYLIS et al. (2000) zeigte die Bolton-Bouillon im Vergleich mit zwei anderen Anreicherungsmedien (*Campylobacter*-Anreicherungsbouillon, Preston-Bouillon) die besten Ergebnisse hinsichtlich der Unterstützung des Wachstums von *Campylobacter* und der Unterdrückung der Begleitflora.

Als Selektivnährböden wurden der Preston-Agar und der Karmali-Agar entsprechend den Vorgaben der DIN ISO DIS 10272 (1994) gewählt. Der Entwurf der DIN ISO DIS 10272 von 2004 sieht den „modifizierten Aktivkohle-Cefoperazon-Desoxycholat-Agar“ (mCCD-Agar) vor. Als zweiter Agar werden u.a. Karmali- und Preston-Agar vorgeschlagen.

Auch die Kombination Preston-Bouillon und Karmali-Agar wurde in neueren Untersuchungen noch verwendet (LIENAU et al. 2003; ELLERBROEK et al. 2005).

Biochemische Auswertung: Insbesondere die unterschiedlichen Angaben in der Literatur zum Verhalten von *C. coli* bezüglich der H₂S-Bildung (DIN ISO DIS 10272 1994; SMIBERT 1994; VANDAMME und GOOSSENS 1992) führen zu unterschiedlichen Ergebnissen.

Tab. 5-1: Verhalten von *C. coli* bezüglich der H₂S-Bildung

<i>C. coli</i>	H ₂ S-Bildung (TSI-Agar)
DIN ISO DIS 10272 (1994)	(+)
SMIBERT (1994)	+
VANDAMME und GOOSSENS (1992)	-

Vor diesem Hintergrund stellt sich die PCR als gute Alternative dar, um eine exaktere Speziesdifferenzierung vorzunehmen. Auch der in dieser Untersuchung relativ große Anteil an nicht weiter differenzierbaren *Campylobacter* (*C. spp.*) (vgl. Anhang 9.4) ließe sich dadurch verringern.

5.3.2. Tiefgefrieren des Probenmaterials

Als mögliche Ursache für niedrigere Werte der Keimzahl weisen HOLDER et al. (1997) darauf hin, dass ihre Proben im Schlachtbetrieb gefroren wurden, während die Proben einer anderen Arbeit gekühlt transportiert wurden.

BAILEY et al. (2000) zeigten dagegen, dass sich die Keimzahl während einer Lagerungszeit von zwei Wochen bei – 18 °C nicht veränderte. Auch für Salmonellen konnten die Autoren zeigen, dass Salmonellen über diesen Zeitraum bei Gefriertemperaturen von – 18 °C nicht signifikant reduziert oder abgetötet werden.

Dennoch wurde für gramnegative Bakterien allgemein festgestellt, dass Tiefgefrierempfindlichkeit gegeben ist und zwar relative Einbußen festgestellt werden, jedoch nur über längere Zeitspannen (FRIES und EGGERDING 1997).

In dieser Untersuchung wurde nur eine qualitative Untersuchung bezüglich *Salmonella* und *Campylobacter* durchgeführt. Angesichts der hohen Tiefgefrierempfindlichkeit von *Campylobacter* wurde für diesen Teil der Untersuchung auf das Tiefgefrieren verzichtet. Die Proben wurden unmittelbar nach der Gewinnung auch bearbeitet, während aus arbeitstechnischen Gründen alle Proben, die für die Untersuchung auf *Salmonella* vorgesehen waren, tiefgefroren wurden. Keine Probe wurde jedoch länger als drei Monate tiefgefroren gehalten.

5.4. Keimbelastung im Schlachtbetrieb

5.4.1. Ergebnisse der konventionellen Untersuchung

5.4.1.1. Aerobe Keimzahl

Unabhängig vom Betrieb und Probenahmetag lagen die Eingangskeimgehalte (Probenahmeposition „vor dem Brühen“) zwischen $\log_{10} 4$ und $\log_{10} 5$. Insgesamt lag in beiden Betrieben in drei Fällen die Keimzahl an der ersten Position zwischen $\log_{10} 5,5$ und $\log_{10} 6$. Auch andere Angaben aus der Literatur lagen zwischen $\log_{10} 5$ und $\log_{10} 6$ (CLOUSER et al. 1995; MEAD et al. 1993). Es fanden sich aber auch höhere ($\log_{10} 8,3$) und niedrigere ($\log_{10} 3,9$) Werte an der Position „vor dem Brühen“ (CLOUSER et al. 1995; KOTULA und PANDYA 1995).

Der weitere Verlauf in den beiden Betrieben war unterschiedlich. Während im ersten Betrieb (Brühtankbrüfung) die Durchschnittswerte der einzelnen Positionen eng beieinander lagen und i.d.R. eine leichte Abnahme während der Fleischgewinnungslinie zu beobachten war, stellte sich dies im zweiten Betrieb (Dampfbrüfung) anders dar. Hier wurden an der zweiten Position „nach dem Rupfen“ die geringsten Keimzahlen nachgewiesen. Anschließend erfolgte ein Anstieg der Keimzahl, der z.T. deutlich oberhalb des Eingangskeimgehaltes lag. Eine Abnahme während der Fleischgewinnungslinie beschreiben CLOUSER et al. (1995). Aber auch Anstiege der Keimzahl während der Fleischgewinnung wurden beobachtet, z.B. nach der Eviszeration bei MEAD et al. (1993) oder nach der Kühlung bei SALVAT et al. (1995). Ansteigende Werte im Ablauf weisen auf technisch-hygienische Mängel hin.

5.4.1.2. Salmonella

In dieser Untersuchung lag die Eingangsbelastung („vor dem Brühen“) mit *Salmonella* zwischen 0 % und 33,3 %. Für die Belastung in den Mastherden lagen Angaben zwischen 22,3 % und 100 % vor (HAFEZ et al. 1995; KOTULA und PANDYA 1995; PLESS und KÖFER 1998; SALVAT et al. 1995; WICHMANN-SCHAUER et al. 2001). Auch hier war der weitere Verlauf in den beiden Betrieben unterschiedlich. Im ersten Betrieb lag nach dem Brühen und Rupfen eine deutlich höhere Salmonellenbelastung vor, während im zweiten Betrieb eine Tendenz zur Abnahme der Nachweise zu erkennen war. An der letzten Position lagen die Salmonellengehalte zwischen 9,5 % und 81 %. In der Literatur reichte die Spanne am Ende der Fleischgewinnung von 0 % bis 100 % (ATANASSOVA et al. 1998;

HAFEZ et al. 1995; PLESS und KÖFER 1998; SALVAT et al. 1995; TRAMPEL et al. 2000; UYTTENDAELE et al. 1999).

5.4.1.3. *Campylobacter*

Die Belastung mit *Campylobacter* fiel unterschiedlich aus. Sie reichte an der ersten Probenahmeposition („vor dem Brühen“) je nach Betrieb von 0 % bis 100 %. In der Literatur lagen die Angaben bezüglich der Herdenbelastung zwischen 41,4 % und 100 % (ATANASSOVA und RING 1999; HAFEZ et al. 1995; KOTULA und PANDYA 1995; STERN et al. 2001). An der Position „vor dem Brühen“ reichten die Angaben von 3,3 % bis 100 % (YUSUFU et al. 1983; KOTULA und PANDYA 1995; MEAD et al. 1995). Auch hier stellte sich der weitere Verlauf nicht einheitlich dar: Wenn der Eingangskeimgehalt, mit dem die Tiere den Schlachtbetrieb erreichten, schon sehr hoch war, blieb dieser durchgehend erhalten (vgl. *Campylobacter*belastung im zweiten Betrieb). Der Keimgehalt stieg aber auch im Schlachtbetrieb an: Im ersten Betrieb war zwischen der ersten und dritten Position ein deutlicher Anstieg zu verzeichnen. Dies korrespondierte mit Angaben von YUSUFU et al. (1983). Im ersten Betrieb war außerdem ein Abfall des *Campylobacter*nachweises zwischen den Positionen „nach dem Rupfen“ und „vor dem Kühlen“ zu verzeichnen. Die Belastung an der letzten Position („während der Kühlung“) lag in Abhängigkeit von der Ausgangsbelastung zwischen 33,3 % und 100 %. Auch hier fanden sich Literaturangaben, die am Ende der Fleischgewinnung zwischen 0 % und 82 % lagen (YUSUFU et al. 1983; HAFEZ et al. 1995; ATANASSOVA et al. 1998; UYTTENDAELE et al. 1999; STERN et al. 2001; DICKINS et al. 2002).

Tab. 5-2: *Campylobacter*-positive Proben in beiden Betrieben

		Auftreten <i>Campylobacter</i>-positiver Proben [%]
Betrieb 1 (Brühtankbrüfung)	1. Probenahmetag am 20.03.02	25
	2. Probenahmetag am 03.04.02	63
Betrieb 2 (Dampfbrüfung)	1. Probenahmetag am 24.04.02	92
	2. Probenahmetag am 07.05.02	98

In dem in der Literatur beschriebenen jahreszeitlich unterschiedlichen Vorkommen von *Campylobacter* (LIENAU et al. 2003; ELLERBROEK et al. 2005) konnte hier aufgrund des

kurzen (zweimonatigen) Probenahmezeitraumes von März bis Mai nicht kommentiert werden. Dieser Zeitraum wurde bei den genannten Autoren als Beginn steigender *Campylobacter*nachweise nach den Wintermonaten genannt. Diese Tendenz spiegelte sich in den ermittelten Ergebnissen dieser Untersuchung wieder.

5.4.1.4. Fazit aus dem Vergleich

In Betrieb 1 waren alle vor dem Brühtank genommenen Proben bezüglich Salmonellen (an beiden Probenahmetagen) und *Campylobacter* (am ersten Probenahmetag) negativ. Dies ist im Hinblick auf das Betriebsmanagement der anliefernden Mäster bemerkenswert. Auch die Wahl des Probenmaterials könnte eine Rolle gespielt haben, was aber eher als unwahrscheinlich anzusehen ist. Ein geringer Verschmutzungsgrad und damit eine niedrige Kontaminationsrate können ebenso dazu beigetragen haben wie die bodenferne Entnahmestelle „Halshaut“. In beiden Betrieben nahm jedoch die Anzahl positiver Proben für beide Pathogene nach dem Einsatz der ersten großen technischen Bearbeitungseinheit (Brühen und Rupfen) zu. Dies spricht für die Schwierigkeit, den technischen Ablauf der Fleischgewinnung hygienisch neutral ablaufen zu lassen.

Bezüglich der aeroben Keimzahlen und der *Campylobacter*belastung stand Betrieb 1 besser dar. Betrachtet man dagegen das Auftreten von *Salmonella*, so hatte Betrieb 1 doppelt so viele positive Proben wie Betrieb 2. Diese Befunde sprechen für ein unterschiedliches ökologisch-epidemiologisches Transfermuster bei beiden Zoonoseerregern. Bezüglich *Campylobacter* war eine Verbesserung durch die neue Brühtechnik nicht zu erkennen.

5.4.2. Molekularbiologische Ergebnisse

5.4.2.1. Salmonella

Als identisch bezeichnete *Salmonella*-Stämme (= Isolate, bei denen die Serovar, das Antibiotogramm, die Phagentypisierung, die biochemischen Merkmale und die Ergebnisse der PFGE übereinstimmten) wurden nicht nur innerhalb einer Sendung (also zu einem Zeitpunkt) an verschiedenen Positionen im Schlachtverlauf isoliert, sondern auch zu unterschiedlichen Zeitpunkten eines Probenahmetages (vgl. Tab. 4-9 bis 4-12). Dies wurde besonders am 2. Probenahmetag im 1. Betrieb deutlich (Tab. 4-10), wo ein Stamm von *S. Indiana* an drei Positionen in allen drei Sendungen isoliert wurde und ein anderer Stamm an zwei Positionen ebenfalls in allen drei Sendungen. Da in diesem Betrieb zu diesem Termin an der

1. Probenahmeposition keine Salmonellen auftraten, spricht dies für das längere Verbleiben des Stamms im Schlachtbetrieb.

Bei der Beurteilung dieser Darstellung ist zu berücksichtigen, dass die PFGE mit einem einzigen Makrorestriktionsenzym über die phänotypische Einteilung in Serovarietäten hinaus keine weitere Unterscheidung der Isolate ermöglichte. Die *S. Indiana*-Isolate (alle 59 Isolate zeigten dasselbe Bandenmuster) sowie Isolate von *S. Heidelberg* und *S. Typhimurium*, die speziessübergreifend das gleiche Bandenmuster zeigten, wurden daher mit einem 2. Restriktionsenzym (*SpeI*) aufgearbeitet. In einem Fall war dadurch eine weitergehende Differenzierung möglich (s. Tab. 4-8). In der Untersuchung von KUBOTA et al. (2005) zeigten einige Isolate nach der Analyse mit *XbaI* und *BlnI* keine unterscheidbaren PFGE-Muster.

Erst die Kombination der PFGE-Ergebnisse mit den phänotypischen Angaben (Antibiogramm, Phagentypisierung, biochemische Merkmale) ermöglichte die genauere Identifizierung der unterschiedlichen Isolate. Epidemiologisch konnten so die mittels phänotypischer Methoden aufgezeigten denkbaren Übertragungswege auch genotypisch nachvollzogen werden. HARBOTTLE et al. (2006) stellten fest, dass die Unterscheidung von *Salmonella*-Stämmen durch die Kombination der PFGE-Ergebnisse mit dem Antibiogramm und den Ergebnissen des „multilocus sequence typing“ (MLST) erhöht werden konnte.

5.4.2.2. Campylobacter

Es wurden Stämme isoliert, die mit dem Instrument der PFGE als identisch eingestuft wurden. Mehrere dieser identischen Stämme wurden innerhalb einer Sendung (also zu einem Zeitpunkt) an verschiedenen Positionen im Schlachtverlauf isoliert (vgl. Tab. 4-14 bis 4-17). So traten im 1. Betrieb am 2. Probenahmetag (Tab. 4-15) jeweils ein Stamm in der ersten und dritten Sendung jeweils an den ersten drei Probenahmepositionen auf.

Im 2. Betrieb konnte ein Stamm sogar in zwei aufeinander folgenden Sendungen isoliert werden (Tab. 4-17).

Diese Ergebnisse sprechen dafür, dass *Campylobacter* nach dem Eintrag in den Schlachtbetrieb verteilt wird und sich teilweise durch die gesamte Fleischgewinnungslinie zieht.

Ein Stamm konnte jeweils einmal im 1. Betrieb als auch im 2. Betrieb isoliert werden (Tab. 4-15 und 4-17). Als mögliche Erklärung könnte derselbe Lieferant (Putenmäster) an beide Betriebe (Eintrag derselben Keimflora) angeführt werden. Denkbar ist auch, dass die Isolate

mit der verwendeten Technik nicht voneinander trennbar waren und somit die Notwendigkeit einer weitergehenden Aufarbeitung der gewonnenen Isolate (Makrorestriktionsanalyse mit einem weiteren Enzym, PCR zur Differenzierung der Isolate) bestünde.

5.4.2.3. Fazit aus den molekularbiologischen Ergebnissen

Die Ergebnisse sprechen dafür, dass sich identische *Salmonella*- und *Campylobacter*-Isolate durch die gesamte Fleischgewinnungslinie gezogen haben. Eine kontinuierliche Verschleppung innerhalb der Fleischgewinnungslinie ist somit grundsätzlich möglich.

Ob die Tiere aller betroffenen Sendungen mit identischen Stämmen infiziert waren oder ob die Stämme aus der Schlachtlinie stammten bzw. sich nach einer ersten Einschleppung über den Probenahmetag dort hielten, konnte nicht geklärt werden.

Es zeigte sich außerdem, dass in keinem der beiden untersuchten Betriebe ein Produktionsschritt technisch zu einer vollständigen Eliminierung der Pathogene oder einer Unterbrechung der Keimverteilung geführt hatte.

5.5. Schlussfolgerungen zur Dampfbrühung

Die Dampfbrühanlage ließ sich gut in die übrige Anlagentechnik integrieren, sowohl was den Platzbedarf anging als auch die Vorbereitung der Tierkörper für das Rupfen.

Betrachtet man den Verlauf der aeroben Keimzahl im zweiten Betrieb, war ein Abfall der Keimzahl zu erkennen, obwohl die Proben nicht direkt nach dem Brühen, sondern nach dem Rupfen genommen wurden. Hier schien die Dampfbrühtechnik potentiell in der Lage zu sein, die Keimzahl zu senken.

Es zeigte sich gleichzeitig, dass die gesamte Linie der Fleischgewinnung wichtig ist: Im weiteren Prozessablauf dieses Betriebes kam es zu einem deutlichen Keimanstieg, so dass anzunehmen ist, dass der Vorteil der Dampfbrühung relativiert wurde und somit keine Auswirkung auf den Endkeimgehalt hatte. Es wird daraus geschlossen, dass einzelne Maßnahmen keinen durchschlagenden Erfolg haben, Einzelelemente jedoch in der entsprechenden Kombination durchaus Erfolg versprechend sein können.

Viel versprechend scheinen somit Ansätze zu sein, die auf allen Ebenen versuchen, die Belastung mit diesen Pathogenen zu reduzieren. Neben der hier nicht bearbeiteten Putenaufzucht und -mast sowie dem Transport zum Schlachtbetrieb muss auch in der

Fleischgewinnung jedes Element genutzt werden, um die Belastung gering zu halten oder sogar zu senken. Hier kann die Dampfbrühung wirksam werden, allerdings ohne eine echte Schwelle darzustellen.

5.6. Anforderungen seitens der Gesetzgebung in der EU

Bisher gab es gesetzliche Anforderungen nur im Rahmen der nationalen Hühner-Salmonellen-Verordnung, die sich ausschließlich auf Zuchttiere (Hühner) und Legehennen (Aufzucht) bezieht, in der u.a. Impfungen gegen Salmonellen geregelt sind.

Dass über die Hühner-Salmonellen-Verordnung hinausgehend auch andere Tierarten, weitere Zoonoseerreger und *Salmonella*-Serovare von Bedeutung für den Verbraucherschutz sind, hat in europäischen Rechtsvorschriften Niederschlag gefunden.

Eine dieser weiterreichenden Vorschriften ist die VO (EG) 2160/2003, die sich zwar immer noch auf Salmonellen bezieht, aber alle Serotypen umfasst, die die öffentliche Gesundheit betreffen. Außerdem werden auch Masthähnchen, Puten und Schweine in die Untersuchungen einbezogen.

In der RL 2003/99/EG wird als überwachungspflichtige Zoonose neben der Salmonellose mit ihren Erregern auch die Campylobacteriose mit ihren Erregern genannt.

Als direkte Untersuchungsvorschrift ist seit Anfang des Jahres 2006 die VO (EG) 2073/2005 in Kraft getreten. Hühner und Puten sind am Ende des Schlachtprozesses (nach dem Kühlen) auf Salmonellen zu untersuchen. Wenn unbefriedigende Ergebnisse auftreten, sind die Schlachthygiene und die Herkunftsbestände zu überprüfen. Es handelt sich um eine Überprüfung im Sinne eines technischen Prozessparameters und nicht um eine Handhabung im gesundheitsrelevanten Sinne.

Die Bedeutung von Daten über das Vorkommen von Zoonoseerregern hat für *Salmonella* zu einer europaweiten Erhebung geführt, deren Grundzüge in der Entscheidung 2005/636/EG beschrieben sind. Dabei werden Broilerbestände kurz vor der Schlachtung auf *Salmonella* spp. untersucht.

Die in dieser Untersuchung gewonnenen Daten, die z.T. hohe Belastung der Puten mit *Campylobacter* und *Salmonella*, bestätigen diese neuen Anforderungen. Es kann jedoch auch angebracht erscheinen, die Gewinnungstechnologie in diese Bemühungen zu integrieren.

6. Zusammenfassung

In zwei nordwestdeutschen Geflügelschlachtbetrieben (Puten) mit unterschiedlicher technischer Lösung des Brühvorganges wurden im Verlaufe des Fleischgewinnungsprozesses Hautproben entnommen. Die Probenahme erfolgte an 4 verschiedenen Stellen (vor dem Brühen bzw. vor der Dampfbrüfung, nach dem Rupfen, vor der Kühlung und während der Kühlung), dies an drei über den Produktionstag verteilten Uhrzeiten. Die mikrobiologische Untersuchung umfasste die aerobe Keimzahl als allgemeinem Hygieneparameter und die Zoonoseerreger *Salmonella* und *Campylobacter*. Die Untersuchungen wurden in Anlehnung an § 35 LMBG bzw. DIN-Normen (DIN 10113-1; DIN-ISO DIS 10272) durchgeführt.

Die gewonnenen *Salmonella*-Isolate und eine Auswahl der erhaltenen *Campylobacter*-Isolate wurden dann molekularbiologisch mittels PFGE (Pulsfeld-Gelelektrophorese) untersucht.

Ziel dieser Arbeit war es, die mikrobiologische Belastung von Puten während des Schlachtprozesses, insbesondere den Einfluss der Dampfbrüfung (anstelle der konventionellen Brühtechnik im Wasserbad) auf die Keimbelastung der geschlachteten Tiere zu prüfen. In diesem Rahmen sollte auch geklärt werden, ob und wie weit zoonotische Mikroflora im Fleischgewinnungsablauf verschleppt wurde.

Generell ist das Brühen ein Schwachpunkt in der Geflügelschlachtung. Die Dampfbrüfung ist möglicherweise eine Alternative zum Brühen mittels Wassertank.

Der durchschnittliche Wert der aeroben Keimzahl lag im 1. Betrieb (Brühtankbrüfung) zwischen $\lg 4$ und $\lg 5$. Durch das Brühen und Rupfen wurde kein deutliches Absinken der Keimzahlen erreicht. Durch eine offenkundig gute Hygienetechnik erfolgte jedoch kein Anstieg der Keimzahlen, so dass der Keimgehalt während der Kühlung unterhalb des Eingangskeimgehaltes lag.

Im 2. Betrieb (Dampfbrüfung) lag die Keimzahl zwischen $\lg 3,63$ und $\lg 7,13$. Es gelang, die Keimzahlen nach dem Brühen und Rupfen zu senken. Obwohl die Proben nicht direkt nach dem Brühen, sondern nach dem Rupfen genommen wurden, war ein Abfall der Gesamtkeimzahl erkennbar, der teilweise statistisch signifikant war. Im weiteren Prozessverlauf kam es jedoch zu einem deutlichen Keimanstieg, so dass der Vorteil der Dampfbrüfung keine Auswirkung auf den Endkeimgehalt hat. Dies unterstreicht, dass die gesamte Fleischgewinnungslinie wichtig ist.

Im 1. Betrieb (Brühtankbrühung) zeigten 58 % der Proben ein positives *Salmonella*-Ergebnis. Dabei waren 6 *Salmonella*-Serovarietäten (*S. Typhimurium*, *S. Indiana*, *S. Agona*, *S. Heidelberg*, *S. der Gruppe B* und *S. Saintpaul*) vertreten. Hier konnten an der 1. Probenahmeposition keine Salmonellen isoliert werden. 42 % der untersuchten Proben zeigten ein positives Ergebnis im Hinblick auf *Campylobacter* (*C. jejuni* und *C. coli*).

Im 2. Betrieb (Dampfbrühung) waren nur 22 % der Proben *Salmonella*-positiv, die ebenfalls an allen 4 Probenahmepositionen auftraten. Es kamen 3 *Salmonella*-Serovarietäten (*S. Typhimurium*, *S. Heidelberg* und *S. Saintpaul*) vor. Dagegen wurde *Campylobacter* durchgehend an jeder Position in hoher Anzahl nachgewiesen, insgesamt 89 % der Proben waren positiv. Es traten *C. jejuni*, *C. coli* und *C. lari* auf.

Die Ergebnisse der PFGE sprechen dafür, dass sich identische *Salmonella*- und *Campylobacter*-Isolate durch die gesamte Fleischgewinnungslinie zogen. Die Verbreitung dieser Pathogene konnte in keinem der beiden Betriebe durch einzelne Produktionsschritte verhindert werden. Dies spricht für eine grundsätzliche Durchgängigkeit der Fleischgewinnungstechnologie auch für Zoonoseerreger.

In Anbetracht der kommenden restriktiven Rechtsetzung hinsichtlich *Salmonella* und *Campylobacter* muss die Geflügelfleischgewinnungstechnologie insgesamt hygienischer ausgestaltet werden.

7. Summary

Variants in scalding techniques for the production of turkey meat: microbiological comparisons and molecularbiological surveys (PFGE)

In two turkey processing plants in the northwest of Germany, skin samples were taken at 4 different positions (prior to scalding, after plucking, before and during chilling), which was repeated three times per sampling day (two days). The scalding technique was different (steam respectively water scalding). Samples were examined for total aerobic plate count as a hygiene parameter and the zoonotic agents *Salmonella* and *Campylobacter*. The examinations followed § 35 LMBG, DIN 10113-1 and DIN-ISO DIS 10272.

After identification, *Salmonella* and a selection of *Campylobacter* isolates were characterized using molecularbiological pulsed-field gel electrophoresis (PFGE).

It was the aim of this study to reflect the influence of steam scalding on the microbiological status of the turkey skin compared to water scalding and the distribution of zoonotic agents under different scalding techniques.

Scalding is generally recognised a a weak point in poultry processing. Scalding by steam is considered to be a potential alternative to water scalding.

In abattoir one (water scalding), an average total aerobic plate count was obtained lg 4 and 5. No significant reduction of the total aerobic plate count during scalding and plucking was observed. In the end, the microbial count at the chilling position was lower than in the beginning.

In abattoir two (steam scalding), the total aerobic plate count was between lg 3,63 and lg 7,13. The microbial count was lower after plucking than prior to scalding. A reduction of the total aerobic plate count was sometimes significant. However, during the following procedures the microbial count increased. So in the end, steam scalding had no impact on the microbial count underlining the importance of the complete processing line.

In abattoir one (water scalding), 58 % of the samples were *Salmonella* positive. 6 *Salmonella* serovars (*S. Typhimurium*, *S. Indiana*, *S. Agona*, *S. Heidelberg*, *S. of Group B* and *S. Saintpaul*) were recovered. No *Salmonella* was identified at the first position of sampling. 42 % of the samples were *Campylobacter* positive (*C. jejuni* und *C. coli*).

In abattoir two (steam scalding), 22 % of the samples were *Salmonella* positive which were recovered at each of the 4 sampling sites. *Salmonella* serovars were *S. Typhimurium*, *S. Heidelberg* und *S. Saintpaul*. Altogether 89 % of the samples were *Campylobacter* positive at each sampling site: *C. jejuni*, *C. coli* and *C. lari* were identified.

The results of PFGE demonstrate, that both, *Salmonella* and *Campylobacter* strains are being transferred through the whole processing line demonstrating the lack of critical points with respect to both zoonotic agents.

With respect to restrictive legislation on zoonotic agents in the near future, the poultry processing lines must become more safe with respect to bacterial transfer.

8. Literaturverzeichnis

8.1. Wissenschaftliches Schrifttum

ATANASSOVA, V., ALTEMEIER, J., KRUSE, K.-P., und DOLZINSKI, B. (1998):
Nachweis von Salmonella und Campylobacter aus frischem Geflügelfleisch. Vergleichende
Untersuchung über kulturelle Methoden.
Fleischwirtschaft 78, 364 - 366

ATANASSOVA, V., and RING, C. (1999):
Prevalence of Campylobacter spp. in Poultry and Poultry Meat in Germany.
International Journal of Food Microbiology 51, 187 - 190

BAILEY, J. S. (1993):
Control of Salmonella and Campylobacter in Poultry Production. A Summary of Work at
Russell Research Center.
Poultry Science 72, 1169 - 1173

BAILEY, J. S., LYON, B. G., LYON, C. E., and WINDHAM, W. R. (2000):
The Microbiological Profile of Chilled and Frozen Chicken.
Journal of Food Protection 63, 1228 - 1230

BARBUT, S. (2004):
Slaughter-Line Operation Poultry
in: W.K. Jensen, C. Devine, M. Dikeman (Eds.): Encyclopedia of Meat Sciences.
Elsevier Academic Press, Oxford, UK, pp. 1255 – 1261.

BAYLIS, C. L., MAC PHEE, S., MARTIN, K. W., HUMPHREY, T. J., and BETTS, R. P.
(2000):
Comparison of three Enrichment Media for the Isolation of Campylobacter spp. from Foods.
Journal of Applied Microbiology 89, 884 - 891

BERRANG, M. E., DICKENS, J. A., and MUSGROVE, M. T. (2000):
Effects of Hot Water Application after Defeathering on the Levels of Campylobacter,
Coliform Bacteria, and Escherichia coli on Broiler Carcasses.
Poultry Science 79, 1689 – 1693

BERRANG, M. E., BUHR, R. J., CASON, J. A., and DICKENS, J. A. (2001):
Broiler Carcass Contamination with Campylobacter from Feces during Defeathering.
Journal of Food Protection 64, 2063 - 2066

BRANSCHIED, W., HAHN, G., und WICKE, M. (2004):
Qualität von Putenfleisch. Probleme und Gegenmaßnahmen.
Fleischwirtschaft 11, 109 - 112

- BROMAN, T., PALMGREN, H., BERGSTRÖM, S., SELLIN, M., WALDENSTRÖM, J., DANIELSSON-THAM, M.-L., and OLSEN, B. (2002):
Campylobacter jejuni in Black-Headed Gulls (*Larus ridibundus*): Prevalence, Genotypes, and Influence on *C. jejuni* Epidemiology.
Journal of Clinical Microbiology 40, 4594 - 4602
- CAMPBELL, D. F., JOHNSTON, R. W., WHEELER, M. W., NAGARAJA, K. V., SZYMANSKI, C. D., and POMEROY, B. S. (1984):
Effects of the Evisceration and Cooling Processes on the Incidence of Salmonella in Fresh Dressed Turkeys Grown under Salmonella-Controlled and Uncontrolled Environments.
Poultry Science 63, 1069 - 1072
- CASON, J. A., WHITTEMORE, A. D., and SHACKELFORD, A. D. (1999):
Aerobic Bacteria and Solids in a Three-Tank, Two-Pass, Counterflow Scalding.
Poultry Science 78, 144 - 147
- CASON, J. A., HINTON, JR., A., and INGRAM, K. D. (2000):
Coliform, Escherichia Coli, and Salmonellae Concentrations in a Multiple-Tank, Counterflow Poultry Scalding.
Journal of Food Protection 63, 1184 - 1188
- CLOUSER, C. S., DOORES, S., MAST, M. G., and KNABEL, S. J. (1995):
The Role of Defeathering in the Contamination of Turkey Skin by Salmonella Species and Listeria monocytogenes.
Poultry Science 74, 723 - 731
- DICKINS, M. A., FRANKLIN, S., STEFANOVA, R., SCHUTZE, G. E., EISENACH, K. D., WESLEY, J., and CAVE, M. D. (2002):
Diversity of Campylobacter Isolates from Retail Poultry Carcasses and from Humans as Demonstrated by Pulsed-Field Gel Electrophoresis.
Journal of Food Protection 65, 957 - 962
- ELLERBROEK, L., LIENAU, J., PETERS, J., SERWATKA, G., MAC, K., BARTELT, E., and KAESBOHRER, A. (2005):
Interim Report of German Campylobacter-Monitoring in Broiler. Implementation and Preliminary Results.
Fleischwirtschaft 2, 105 - 106
- FELDHAUS, L., und SIEVERDING, E. (2001):
Grundlagen für die Planung, Die Aufzuchtphase, Die Mastphase, Schlachten, Vermarktung, Alternative Putenhaltung
in: L. Feldhaus, E. Sieverding: Putenmast.
Verlag Eugen Ulmer, Stuttgart, S. 8 – 15, 16 – 25, 26 – 33, 77 – 79, 81, 84 – 88.
- FRIES, R. (2001):
Geflügelfleischgewinnung
in: R. Fries, V. Bergmann, K. Fehlhaber: Praxis der Geflügelfleischuntersuchung.
Verlag Schlütersche, Hannover, S. 37 – 46.

FRIES, R (2005):

Hygienegrundsätze.

in: Geflügeljahrbuch 2005

Jahrbuch ZV der Deutschen Geflügelwirtschaft e. V., Berlin,
Verlag Ulmer, Stuttgart, S. 177 – 190.

FRIES, R., und EGGERDING, B. (1997):

Reduzierung der Bakterienzahlen in tiefgefrorenem sterilen Geflügelfleisch.

Archiv für Lebensmittelhygiene 48, 121 - 144

GRACEY, J. F., and COLLINS, D. S. (1992):

Inspection of Poultry

in: J. F. Gracey, D. S. Collins: Meat Hygiene.

Baillière Tindall, London, Philadelphia, Toronto, Sydney, Tokyo, pp. 485 - 501.

GEORNARAS, J., DE JESUS, A. E., VAN ZYL, E., and VON HOLY, A. (1997):

Bacterial Populations of Different Sample Types from Carcasses in the Dirty Area of a South African Poultry Abattoir.

Journal of Food Protection 60, 551 - 554

GLÜNDER, G., und HINZ, K.-H. (2005):

Campylobakteriose

in: O. Siegmann, U. Neumann (Hrsg.): Kompendium der Geflügelkrankheiten.

Verlag Schlütersche, Hannover, S. 237 – 240.

HAFEZ, H. M., und HINZ, K.-H. (2005):

Arizona-Salmonellose

in: O. Siegmann, U. Neumann (Hrsg.): Kompendium der Geflügelkrankheiten.

Verlag Schlütersche, Hannover, S. 213 – 214.

HAFEZ, H. M., STADLER, A., and SCHROTH, S. (1995):

The Microbiological Contamination of Turkey and Turkey Meat with Salmonella and Campylobacter.

in: Proc. World Poultry Science Association, European Federation, Poultry Products Microbiology European Regulations and Quality Assurance Systems, 25. – 29. September 1995, Zaragoza (Spain), pp. 63 – 73.

HAFEZ, H. M. (1997):

Bakteriell bedingte Erkrankungen. Einleitung.

in: H. M. Hafez, S. Jodas: Putenkrankheiten

Verlag Ferdinand Enke, Stuttgart, S. 35 – 93; S. 11 – 18.

HARBOTTLE, H., WHITE, D. G., McDERMOTT, P. F., WALKER, R. D., and ZHAO, S. (2006):

Comparison of Multilocus Sequence Typing, Pulsed-Field Gel Electrophoresis, and Antimicrobial Susceptibility Typing for Characterization of *Salmonella enterica* Serotype Newport Isolates.

Journal of Clinical Microbiology 44, 2449 - 2457

HOLDER, J. S., CORRY, J. E. L., and HINTON, M. H. (1997):
Microbial Status of Chicken Portions and Portioning Equipment.
British Poultry Science 38, 505 - 511

HOOP, R. T., und HINZ, K.-H. (2005):
Pullorum- und Gallinarum-Salmonellose
in: O. Siegmann, U. Neumann (Hrsg.): *Kompendium der Geflügelkrankheiten*.
Verlag Schlütersche, Hannover, S. 210 – 213.

HOOVER, N. J., KENNEY, P. B., AMICK, J. D., and HYPES, W. A. (1997):
Preharvest Sources of Salmonella Colonization in Turkey Production.
Poultry Science 76, 1232 - 1238

IZAT, A. L., GARDNER, F. A., DENTON, J. H., and GOLAN, F. A. (1988):
Incidence and Level of *Campylobacter jejuni* in Boiler Processing.
Poultry Science 67, 1568 – 1572

IZAT, A. L., COLBERG, M., ADAMS, M. H., REIBER, M. A., and WALDROUP, P. W.
(1989):
Production and Processing Studies to Reduce the Incidence of Salmonellae on Commercial Broilers.
Journal of Food Protection 52, 670 - 673

KEMP, G. K., ALDRICH, M. L., GUERRA, M. L., and SCHNEIDER, K. R. (2001):
Continuous Online Processing of Fecal- and Ingesta-Contaminated Poultry Carcasses Using
an Acidified Sodium Chlorite Antimicrobial Intervention.
Journal of Food Protection 64, 807 - 812

KOORT, J. M. K., LUKINMAA, S., RANTALA, M., UNKILA, E., and SIITONEN, A.
(2002):
Technical Improvement to Prevent DNA Degradation of Enteric Pathogens in Pulsed-Field Gel Electrophoresis.
Journal of Clinical Microbiology 40, 3497 - 3498

KOTULA, K. Z., and PANDYA, Y. (1995):
Bacterial Contamination of Broiler Chickens Before Scalding.
Journal of Food Protection 58, 1326 - 1329

KUBOTA, K., BARRETT, T. J., ACKERS, M. L., BRACHMAN, P. S., and MINTZ, E. D.
(2005):
Analysis of *Salmonella enterica* Serotype Typhi Pulsed-Field Gel Electrophoresis Patterns Associated with International Travel.
Journal of Clinical Microbiology 43, 1205 - 1209

LE MINOR, L. (1994):
Genus *Salmonella*
in: J. G. Holt (Eds.): *Bergey's Manual of Determinative Bacteriology*.
Williams & Wilkins, Baltimore, USA, pp. 186 – 187, 215 – 216, 241 – 242.

- LIENAU, J., KLEIN, G., und ELLERBROEK, L. (2003):
Campylobacter spp. beim Geflügel. Untersuchungen zum Vorkommen in der Mast, während der Schlachtung und auf dem Endprodukt.
Fleischwirtschaft 1, 86 - 88
- MEAD, G. C., HUDSON, W. R., and HINTON, M. H. (1993):
Microbiological Survey of Five Poultry Processing Plants in the UK.
British Poultry Science 34, 497 - 503
- MEAD, G. C., HUDSON, W. R., and HINTON, M. H. (1995):
Effect of Changes in Processing to Improve Hygiene Control on Contamination of Poultry Carcasses with Campylobacter.
Epidemiological Infection 115, 495 - 500
- METHNER, U. (2005):
Salmonellosen
in: O. Siegmann, U. Neumann (Hrsg.): Kompendium der Geflügelkrankheiten.
Verlag Schlütersche, Hannover, S. 208 – 210.
- MEYER, H. (2000):
Putenherkünfte – Übersicht zum aktuellen Leistungsstand.
Bericht aus Kartzfehn 67, 1 -6
- MODZIAK, P. (2004):
Species of Meat Animals, Poultry
in: W.K. Jensen, C. Devine, M. Dikeman (Eds.): Encyclopedia of Meat Sciences.
Elsevier Academic Press, Oxford, UK, pp. 1296 – 1302.
- MÜLLER, K., KÄSBOHRER, A., und BLAHA, T. (1997):
Modifikation des ISO 6579 Salmonellennachweises für Monitoringuntersuchungen in der Geflügelproduktion.
Fleischwirtschaft 77, 563 - 567
- MULDER, R. W. A. W., und DORRESTEIJN, L. W. J. (1977):
Hygiene beim Brühen von Schlachtgeflügel.
Fleischwirtschaft 12, 2220 - 2222
- MULDER, R. W. A. W., DORRESTEIJN, L. W. J., and VAN DER BROEK, J. (1978):
Cross-Contamination during the Scalding and Plucking of Broilers.
British Poultry Science 19, 61 - 70
- NCCLS (1999):
Performance Standards for Antimicrobial Disk and Dilution Susceptibility Tests for Bacteria Isolated from Animals.
in: National Committee for Clinical Laboratory Standards, Wayne, USA, M31-A, Vol. 19 No. 11

NCCLS (2000):

Methods for Dilution Antimicrobial Susceptibility Tests for Bacteria that Grow Aerobically.
in: National Committee for Clinical Laboratory Standards, Wayne, USA, M7-A5, Vol. 20
No. 2

ON, S. L. W. (1996):

Identification Methods for Campylobacters, Helicobacters, and Related Organisms.
Clinical Microbiology Reviews 9, 405 - 422

PLESS, P., und KÖFER, J. (1998):

Getrennte Schlachtung von Salmonella-positiven und Salmonella-negativen Broilerherden als
Bestandteil eines Gütezeichenprogramms.
Fleischwirtschaft 78 187 - 189

RAETHEL, H.-S. (1988):

Truthühner, Meleagrididae
in: H.-S. Raethel: Hühnervögel der Welt.
Verlag J. Neumann – Neudamm, Melsungen, S. 118 – 133.

RAJ, A. B. M. (2004):

Stunning: CO₂ and Other Gases
in: W.K. Jensen, C. Devine, M. Dikeman (Eds.): Encyclopedia of Meat Sciences.
Elsevier Academic Press, Oxford, UK, pp. 1348 – 1353.

RAJ, M. (1998):

Welfare During Stunning and Slaughter of Poultry.
Poultry Science 77, 1815 – 1819

SALVAT, G., ALLO, J. C., and COLIN, P. (1995):

Evolution of Turkey Carcasses Contamination During Slaughtering: Result of a Survey in
French Abattoirs
in: Proc. of the XII European Symposium on the quality of poultry meat and the VI european
symposium on the quality of eggs and egg products; Proc. of the 2nd annual meeting of EC
Cost WG No. 2, 25.-29. September 1995, Zaragoza (Spain), pp. 151 – 157.

SCHALCH, B., und EISGRUBER, H. (1997):

Nachweis von Salmonellen mittels MSR_V-Medium. Ein einfaches, schnelles und
kostensparendes Kultivierungsverfahren.
Fleischwirtschaft 77, 344 - 347

SELBITZ, H.-J. (2002):

Bakterielle Krankheiten der Tiere
in: M. Rolle, A. Mayr: Medizinische Mikrobiologie, Infektions- und Seuchenlehre.
Verlag Enke, Stuttgart, S. 417 – 588.

SMIBERT, R. M. (1994):

Genus Campylobacter
in: J. G. Holt (Eds.): Bergey's Manual of Determinative Bacteriology.
Williams & Wilkins, Baltimore, USA, pp. 41, 58 – 61.

- STERN, N. J., FEDORKA-CRAY, P., BAILEY, J. S., COX, N. A., CRAVEN, S. E., HIETT, K. L., MUSGROVE, M. T., LADELY, S., COSBY, D., and MEAD, G. C. (2001):
Distribution of *Campylobacter* spp. in Selected U.S. Poultry Production and Processing Operation.
Journal of Food Protection 64, 1705 – 1710
- TENOVER, F. C., ARBEIT, R. D., GOERING, R. V., MICKELSEN, P. A., MURRAY, B. E., PERSING, D. H., and SWAMINATHAN, B. (1995):
Interpreting Chromosomal DNA Restriction Patterns Produced by Pulsed-Field Gel Electrophoresis: Criteria for Bacterial Strain Typing.
Journal of Clinical Microbiology 33, 2233 - 2239
- TINDALL B. J., GRIMONT, P. A. D., GARRITY, G. M., and EUZÉBY, J. P. (2005):
Nomenclature and Taxonomy of the Genus *Salmonella*.
International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology 55, 521 - 524
- TRAMPEL, D. W., HASIAK, R. J., HOFFMAN, L. J., and DEBEY, M. C. (2000):
Recovery of *Salmonella* from Water, Equipment, and Carcasses in Turkey Processing Plants.
Journal of Applied Poultry Research 9, 29 - 34
- UYTTENDAELE, M., DE TROY, P., and DEBEVERE, J. (1999):
Incidence of *Salmonella*, *Campylobacter jejuni*, *Campylobacter coli* and *Listeria monocytogenes* in Poultry Carcasses and Different Types of Poultry Products for Sale on the Belgian Retail Market.
Journal of Food Protection 62, 735 - 740
- VANDAMME, P., and GOOSSENS, H. (1992):
Taxonomy of *Campylobacter*, *Arcobacter*, and *Helicobacter*: A Review.
Zentralblatt für Bakteriologie 276, 447 - 472
- WEBER, A., und WACHOWITZ, R. (1994):
Zum Nachweis von Salmonellen mittels Rambach®-Agar.
Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift 107, 43 - 44
- WEIGEL, R. M., QIAO, B., BARBER, D. A., TEFEREDEGNE, B., KOCHERGINSKAYA, S., WHITE, B. A., and ISAACSON, R. E. (2001):
Identification of Patterns of Transmission of *Salmonella* within Swine Production Systems using Pulsed Field Gel Electrophoresis (PFGE) and Repetitive Sequence Polymerase Chain Reaction (REP-PCR): a Quantitative Analysis.
Berliner und Münchener Tierärztliche Wochenschrift 114, 397 - 400
- WEIGEL, R. M., QIAO, B., TEFEREDEGNE, B., SUH, D. K., BARBER, D. A., ISAACSON, R. E., and WHITE, B. A. (2004):
Comparison of Pulsed Field Gel Electrophoresis and Repetitive Sequence Polymerase Chain Reaction as Genotyping Methods for Detection of Genetic Diversity and Inferring Transmission of *Salmonella*.
Veterinary Microbiology 100, 205 - 217

WENZLAWOWICZ M. V., HOLLEBEN, K. V., und BOSTELMANN, N. (2000):
CO₂-Betäubung von Broilern und Puten.
Deutsche Tierärztliche Wochenschrift 107, 116 – 122

WICHMANN-SCHAUER, H., ELLERBROEK, L., DELBECK, F., HAARMANN, M.,
MARTIN, G., NICKOLAI, I., und PAULAT, U. (2000):
Nachweis von Salmonellen in Geflügelfleisch-Proben. Erfahrungen mit einer Modifikation
des ISO 6579.
Fleischwirtschaft 80, 90 - 93

WICHMANN-SCHAUER, H., ELLERBROEK, L., DELBECK, F., FORSTER, S., FRIES,
R., HAARMANN, M., HELMUTH, R., und METHNER, U. (2001):
Vorkommen von Salmonellen bei deutschem Nutzgeflügel und Geflügelfleisch. 2. Große
Hähnchenmast und –schlachtbetriebe.
Fleischwirtschaft 81, 83 - 87

WIELER, L. H., and LATURNUS, C. (2003):
Classification and Typing of Campylobacter: Application of Genotypical Methods in
Veterinary Medicine.
Genome Letters 2, 53 - 61

YUSUFU, H. J., GENIGEORGIS, C., FARVER, T. B., and WEMPE, J. M. (1983):
Prevalence of Campylobacter jejuni at Different Sampling Sites in Two California Turkey
Processing Plants.
Journal of Food Protection 46, 868 - 872

8.2. Rechtszitationen

8.2.1. EU-Recht

Berichtigung der Verordnung (EG) Nr. 853/2004 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 29. April 2004 mit spezifischen Hygienevorschriften für Lebensmittel tierischen Ursprungs

Berichtigung der Verordnung (EG) Nr. 854/2004 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 29. April 2004 mit besonderen Verfahrensvorschriften für die amtliche Überwachung von zum menschlichen Verzehr bestimmten Erzeugnissen tierischen Ursprungs

2005/636/EG: Entscheidung der Kommission vom 1. September 2005 über eine Finanzhilfe der Gemeinschaft für eine Grundlagenerhebung in den Mitgliedstaaten über die Prävalenz von Salmonellen in Beständen von Broilern (Gallus gallus)

Richtlinie 2003/99/EG des Europäischen Parlaments und des Rates vom 17. November 2003 zur Überwachung von Zoonosen und Zoonoseerregern und zur Änderung der Entscheidung 90/424/EWG des Rates sowie zur Aufhebung der Richtlinie 92/117/EWG des Rates

Verordnung (EG) Nr. 2160/2003 des Europäischen Parlaments und des Rates vom 17. November 2003 zur Bekämpfung von Salmonellen und bestimmten anderen durch Lebensmittel übertragbaren Zoonoseerregern

Verordnung (EG) Nr. 2073/2005 der Kommission vom 15. November 2005 über mikrobiologische Kriterien für Lebensmittel

8.2.2. Nationales Recht

Amtliche Sammlung von Untersuchungsverfahren nach § 35 LMBG, L 06.00-18, Mai 1984: Untersuchung von Lebensmitteln, Bestimmung der aeroben Keimzahl bei 30 °C in Fleisch und Fleischerzeugnissen, Spatel- und Plattengussverfahren (Referenzverfahren)

Amtliche Sammlung von Untersuchungsverfahren nach § 35 LMBG, L 00.00-20, Juni 1990: Untersuchung von Lebensmitteln, Nachweis von Salmonellen

Gesetz zur Verhütung und Bekämpfung von Infektionskrankheiten beim Menschen (IfSG) vom 20. Juli 2000, zuletzt geändert durch Art. 9 G vom 24.04.2006

Verordnung zum Schutz von Tieren im Zusammenhang mit der Schlachtung oder Tötung (Tierschutz-Schlachtverordnung - TierSchlV) vom 3. März 1997, geändert durch Verordnung vom 25. November 1999

Verordnung zum Schutz gegen bestimmte Salmonelleninfektionen beim Haushuhn (Hühner-Salmonellen-Verordnung) in der Fassung vom 11. April 2001, geändert durch Artikel 368 der Siebenten Zuständigkeitsanpassungs-Verordnung vom 29. Oktober 2001

8.3. Normen

DIN-ISO DIS 10272, 1994: Mikrobiologie, Allgemeine Anleitung zum Nachweis von thermotoleranten *Campylobacter*-Species
Beuth Verlag, Berlin

DIN EN ISO 6579, März 2003: Mikrobiologie von Lebensmitteln und Futtermitteln, Horizontales Verfahren zum Nachweis von *Salmonella* spp.
Beuth Verlag, Berlin

DIN 10113-1, Juli 1997: Bestimmung des Oberflächenkeimgehaltes auf Einrichtungs- und Bedarfsgegenständen im Lebensmittelbereich, Teil 1: Quantitatives Tupfverfahren
Beuth Verlag, Berlin

8.4. Internetadressen

CAMPYNET: <http://campynet.vetinst.dk> (zuletzt eingesehen im November 2007)

DANMAP 2001: www.danmap.org (zuletzt eingesehen im April 2008)

9. Anhang

9.1. Eingesetztes Labormaterial und Herstellerangaben

Im folgenden sind die verwendeten Nährmedien und Untersuchungsgeräte mit ihren jeweiligen Herstellerangaben in alphabetischer Reihenfolge aufgeführt.

9.1.1. Material für die konventionelle Untersuchung

Anaerobierbank	MK 3 Anaerobic Work Station, dw Scientific, Shipley, Großbritannien, Art.-Nr. BD 177SE
Anaerobiertöpfe	Anaero Jar TM , Oxoid, Basingstoke, Großbritannien, Art.-Nr. 2.5LAG0025A GENbox 7,0L, bio Mérieux, Marcy-l'Etoile, Frankreich, Art.-Nr. 96128
Aufbewahrungssystem	Cryobank TM , Mast Diagnostica, Reinfeld, Art.-Nr. 291709
Barritt-Reagenz	1-Naphthol, Merck, Darmstadt, Art.-Nr. 6223.0050 Ethanol, Roth, Karlsruhe, Art.-Nr. 9065.4
BHI-Bouillon	Hirn-Herz-Infus, Serva, Heidelberg, Art.-Nr. 48200
BPLS-Agar	BPLS-Agar, modif., Merck, Art.-Nr. 1.10747.0500
Brucella-Bouillon	Bacto®, Difco Laboratories, Detroit, USA, Art.-Nr. 0495-01
Gaserzeugende Systeme	CampyGen (2,5l), Oxoid, Art.-Nr. CN 025A GENbag microaer, bio Mérieux, Art.-Nr. 45532
Glycerol	Glycerin wasserfrei, Roth, Art.-Nr. 7530.1
Harnstoff-Agar	Harnstoffagar nach CHRISTENSEN (Basis), Merck, Art.-Nr. 1.08492.0500
Hydrogenperoxidlösung (3%ig)	Wasserstoffperoxid 30%, Merck, Art.-Nr. 1.08597.2500
Indol-Reaktion	Pepton aus Casein pankreatisch verdaut, Merck, Art.-Nr. 1.07213.1000 Natriumchlorid, Merck, Art.-Nr. 1.06404.0500 L-Tryptophan, Raanal, Budapest, Ungarn, Art.-Nr. 20126
Kalilauge (40%ig)	Kaliumhydroxid Plätzchen, Merck, Art.-Nr. 5033

Karmali-Agar	Campylobacter-Agar-Basis nach Karmali, blutfrei, Oxoid, Art.-Nr. CM 908 Campylobacter-Selektiv-Supplement (Karmali), Oxoid, Art.-Nr. SR 139
Kovács-Reagenz	Kovács Indolreagenz, Merck, Art.-Nr. 1.09293.0100
Lysin-Decarboxylase-Agar	L-Lysine monohydrochloride, Raanal, Art.-Nr. 12042 Hefeextrakt gepulvert, Merck, Art.-Nr. 3753 D(+)-Glucose wasserfrei, Merck, Art.-Nr. 8337 Bromkresolpurpur, Feinchemie KG Sebnitz, Art.-Nr. III/25/18
Mueller-Hinton-Blutagar (5%ig)	Mueller-Hinton-Nährboden, Oxoid, Art.-Nr. CM 337 Schafblut, defibriniert, elocin-lab, Mühlheim an der Ruhr, Art.-Nr. 30100500
Natriumchlorid-Peptonwasser	Pepton aus Casein pankreatisch verdaut, Merck, Art.-Nr. 1.07213.1000 Natriumchlorid, Merck, Art.-Nr. 1.06404.0500
Natriumhippuratlösung	Hippursäure Natriumsalz, Merck, Art.-Nr. 8.20648.0025 Natriumchlorid, Merck, Art.-Nr. 1.06404.0500 di-Natriumhydrogenphosphat, Merck, Art.-Nr. 1.06586 Natriumhydrogenphosphat-Monohydrat, Merck, Art.-Nr. 1.06346.0500
Ninhydrinlösung (3,5%ig)	Ninhydrin, Merck, Art.-Nr. 1.59655.0010 Aceton, Roth, Art.-Nr. 5025.1 Isobutanol, Merck, Art.-Nr. 1.00984.1000
omnivalentes Salmonella-Testserum	Omnivalentes Testreagens Anti-Salmonella A-67, SIFIN, Berlin, Art.-Nr. TR 1105
Oxidase-Teststreifen	Bactident® Oxidase, Merck, Art.-Nr. 1.13300
Pepton-Wasser	Pepton-Wasser (gepuffert), Merck, Art.-Nr. 1.07228
physiologische Kochsalzlösung	Natriumchlorid, Merck, Art.-Nr. 1.06404.0500
polyvalentes Salmonella-Testserum	Polyspezifisches Testreagens Anti-Salmonella I (A-E), SIFIN, Art.-Nr. TR 1115 Polyspezifisches Testserum „Anti-Salmonella II“, SIFIN, Art.-Nr. TS 1125

Preston-Agar	Campylobacter-Agar-Basis, Oxoid, Art.-Nr. CM 689 Campylobacter-Selektiv-Supplement (Preston), Oxoid, Art.-Nr. SR 117 Pferdeblut, defibriniert, elocin-lab, Art.-Nr. 30300500
Preston-Bouillon	Nährbouillon Nr. 2, Oxoid, Art.-Nr. CM 67 Campylobacter-Selektiv-Supplement (Preston), Oxoid, Art.-Nr. SR 117 Pferdeblut, defibriniert, elocin-lab, Art.-Nr. 30300500
Rambach®-Agar	RAMBACH®-Agar, Merck, Art.-Nr. 1.07500.0002
Referenzstämme	<i>Campylobacter jejuni</i> spp. <i>jejuni</i> , DSMZ, Braunschweig, DSM 4688 ^T <i>Campylobacter coli</i> , DSMZ, DSM 4689 ^T <i>S. Typhimurium</i> , DSMZ, DSM 5569 <i>S. Enteritidis</i> , DSMZ, DSM 9898
RVS-Medium	Salmonella-Anreicherungsbouillon nach RAPPAPORT und VASSILIADIS, Merck, Art.-Nr. 1.07700.0500
Standard-I-Nähragarplatten	Standard-I-Nähragar, Merck, Art.-Nr. 1.07881.5000
Testscheibchen mit Cephalotin (30 µg)	Antimicrobial Susceptibility Test Discs, Cephalothin, Oxoid, Art.-Nr. CT0010B
Testscheibchen mit Nalidixinsäure (30 µg)	Antimicrobial Susceptibility Test Discs, Nalidixic Acid, Oxoid, Art.-Nr. CT0031B
Tetrathionat-Medium	Tetrathionat-Anreicherungsbouillon nach MÜLLER-KAUFFMANN (Basis), Merck, Art.-Nr. 1.10863.0500
TSI-Agar	Eisen-Dreizucker-Agar, Merck, Art.-Nr. 1.03915.0500
TSYEA (für Platten und Schrägagar-röhrchen)	CASO-Bouillon, Merck, Art.-Nr. 1.05459.0500 Hefeextrakt gepulvert, Merck, Art.-Nr. 3753 Agar Agar Serva, Serva, Art.-Nr. 11398
VP-Reaktion	MR-VP-Bouillon, Merck, Art.-Nr. 1.05712.0500

9.1.2. Material für die molekularbiologische Untersuchung

Agarose	Agarose II, amresco, Solon, Ohio, USA, Art.-Nr. 0815-100 G für <i>Salmonella</i> -Nachweis (für Gel und Blöckchen) Certified™ Megabase Agarose, Bio-Rad Laboratories, Hercules, Californien, USA, Art.- Nr. 161-3108 für <i>Campylobacter</i> -Nachweis (für Blöckchen) Pulsed Field Certified Agarose, Bio-Rad, Art.-Nr. 162-0137 für <i>Campylobacter</i> -Nachweis (für Gel)
Alkohol	Ethanol p.a., Roth, Art.-Nr. 9065.4
Blöckchen-Hilfen	Plug Mold, Bio-Rad, Art.-Nr. 1703706
Blutplatten	Oxoid Nr. 2, Oxoid, Art.-Nr.
Borat	Borsäure, Roth, Art.-Nr. 6943.1
Brij 58	Polyoxyethylene 20 Cetyl Ether (Brij 58), Sigma Chemical, St. Louis, Missouri, USA, Art.-Nr. P-5884
Brucella-Bouillon	Bacto®, Difco Laboratories, Detroit, USA, Art.-Nr. 0495-01
EDTA	Titriplex II (Edetinsäure), Merck, Art.-Nr. 1.08417.1000 Titriplex III (Dinatriumsalz-Dihydrat), Merck, Art.-Nr. 1.08418.1000
Enzym	Proteinase K, Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Art.-Nr. 90755523
Färbemittel fürs Gel	Ethidium Bromide, Sigma, Art.-Nr. E-8751
Heizrührer	MR 2002 Heidolph, Heidolph Instruments, Schwabach
Kamera- und Speichersystem	Digitale Videodokumentation, intas, Göttingen UV-Transilluminator, Hofer Scientific Instruments, San Francisco, USA, Art.-Nr. UVIS-20
Längenmarker für <i>Campylobacter</i>	Pulse Marker™, 50-1000 kb, Sigma, Art.-Nr. D-2416
Längenmarker für <i>Salmonella</i>	Pulse Marker™, 0,1-200 kb, Sigma, Art.-Nr. D-2291 Pulse Marker™, 225-2200 kb, Sigma, Art.-Nr. D-4658
Lysozym	Lysozyme from egg white, Serva Feinchemie, Heidelberg, Art.-Nr. 28260
NaCl	Natriumchlorid, Roth, Art.-Nr. 3957.1

Na-Desoxycholat	Desoxycholic acid sodium salt, Fluka Chemie, Buchs, Schweiz, Art.-Nr. 30970
PFGE-Gerät	Hoefer Hula Gel HG 1000, Hoefer, Art.-Nr. HG 1000-230 V
Restriktionsenzyme	<i>Xba</i> I, Roche, Art.-Nr. 1047663 <i>Spe</i> I, Roche, Art.-Nr. 1207644 <i>Sma</i> I, Roche, Art.-Nr. 1047639 <i>Kpn</i> I, Roche, Art.-Nr. 742953
RNase	Ribonuclease A, Serva, Art.-Nr. 34388
Sarkosyl	N-Lauroyl-Sarcosine, Sigma, Art.-Nr. L-9150
Standard-I- Nähragarplatten	Standard-I-Nähragar, Merck, Art.-Nr. 1.07881.5000
Thermomixer	Thermomixer 5436, Eppendorf, Hamburg
Tris	TRIS Ultra Qualität, Roth, Art.-Nr. 5429.3
Zentrifuge	Centrifuge 5415 C, Eppendorf

9.2. Ergebnisse der mikrobiologischen Untersuchungen, tabellarisch

In der folgenden Tabelle sind die Einzelproben mit ihren Ergebnissen aus den drei konventionellen Untersuchungen aufgeführt.

Tab. 9-1: Auflistung der mikrobiologischen Einzelergebnisse

Proben-Nr.	Probenahmedaten	aerobe Keimzahl [lg KbE/cm ²]	<i>Campylobacter</i>	<i>Salmonella</i>
Betrieb 1; 1. Probenahmetag				
L 561/64	vB; 6:55 Uhr	4,64	-	-
L 562/65	vB; 6:55 Uhr	4,61	-	-
L 563/66	vB; 6:55 Uhr	5,38	-	-
L 564/67	vB; 6:55 Uhr	4,86	-	-
L 565/68	vB; 6:55 Uhr	4,18	-	-
L 566/69	vB; 6:55 Uhr	5,61	-	-
L 567/70	vB; 6:55 Uhr	4,7	-	-
L 540/43	nR; 6:35 Uhr	4,18	<i>C. spp.</i>	-
L 541/44	nR; 6:35 Uhr	4,49	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 542/45	nR; 6:35 Uhr	5,34	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 543/46	nR; 6:35 Uhr	4,8	<i>C. coli</i>	<i>S. Indiana</i>
L 544/47	nR; 6:35 Uhr	4,7	<i>C. coli</i>	<i>S. Indiana</i>
L 545/48	nR; 6:35 Uhr	4,41	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 546/49	nR; 6:35 Uhr	4,41	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 519/22	vK; 6:30 Uhr	4,48	-	-
L 520/23	vK; 6:30 Uhr	4,43	-	<i>S. Indiana</i>
L 521/24	vK; 6:30 Uhr	4,96	-	<i>S. Indiana</i>
L 522/25	vK; 6:30 Uhr	5,2	-	<i>S. Indiana</i>
L 523/26	vK; 6:30 Uhr	4,53	-	<i>S. Typhimurium</i>
L 524/27	vK; 6:30 Uhr	5,86	-	<i>S. Indiana</i>
L 525/28	vK; 6:30 Uhr	5,08	-	<i>S. Indiana</i>
L 498/1	wK; 7:20 Uhr	4,91	-	<i>S. Indiana</i>

Proben-Nr.	Probenahme- daten	aerobe Keimzahl [lg KbE/cm²]	<i>Campylobacter</i>	<i>Salmonella</i>
L 499/2	wK; 7:20 Uhr	4,48	-	S. Indiana
L 500/3	wK; 7:20 Uhr	4,64	-	S. Indiana
L 501/4	wK; 7:20 Uhr	4,58	-	S. Typhimurium
L 502/5	wK; 7:20 Uhr	4,88	-	S. Indiana
L 503/6	wK; 7:20 Uhr	4,36	-	S. Indiana
L 504/7	wK; 7:20 Uhr	4,67	C. spp.	S. Indiana
L 568/71	vB; 9:45 Uhr	4,84	-	-
L 569/72	vB; 9:45 Uhr	5,15	-	-
L 570/73	vB; 9:45 Uhr	5,11	-	-
L 571/74	vB; 9:45 Uhr	5,72	-	-
L 572/75	vB; 9:45 Uhr	5,32	-	-
L 573/76	vB; 9:45 Uhr	5,15	-	-
L 574/77	vB; 9:45 Uhr	4,34	-	-
L 547/50	nR; 9:55 Uhr	4,96	C. spp.	-
L 548/51	nR; 9:55 Uhr	4,72	C. spp.	-
L 549/52	nR; 9:55 Uhr	4,86	-	S. Indiana
L 550/53	nR; 9:55 Uhr	4,75	-	S. Agona
L 551/54	nR; 9:55 Uhr	4,53	-	-
L 552/55	nR; 9:55 Uhr	5,18	-	S. Typhimurium
L 553/56	nR; 9:55 Uhr	4,91	-	S. Agona
L 526/29	vK; 10:10Uhr	4,45	-	S. Indiana
L 527/30	vK; 10:10Uhr	4,48	-	-
L 528/31	vK; 10:10Uhr	4,2	-	S. Heidelberg
L 529/32	vK; 10:10Uhr	4,28	-	S. Agona
L 530/33	vK; 10:10Uhr	4,26	-	-
L 531/34	vK; 10:10Uhr	4,11	-	S. Agona
L 532/35	vK; 10:10Uhr	4,36	-	-
L 505/8	wK; 11:05 Uhr	4,18	C. spp.	S. Typhimurium
L 506/9	wK; 11:05 Uhr	4,38	-	-
L 507/10	wK; 11:05 Uhr	4,38	-	S. Agona

Proben-Nr.	Probenahme- daten	aerobe Keimzahl [lg KbE/cm²]	<i>Campylobacter</i>	<i>Salmonella</i>
L 508/11	wK; 11:05 Uhr	4,23	<i>C. spp.</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 509/12	wK; 11:05 Uhr	4,2	-	<i>S. Typhimurium</i>
L 510/13	wK; 11:05 Uhr	4,46	-	-
L 511/14	wK; 11:05 Uhr	4,46	-	<i>S. Typhimurium</i>
L 575/78	vB; 13:50 Uhr	4,38	-	-
L 576/79	vB; 13:50 Uhr	5,72	-	-
L 577/80	vB; 13:50 Uhr	4,7	-	-
L 578/81	vB; 13:50 Uhr	4,2	-	-
L 579/82	vB; 13:50 Uhr	4,04	-	-
L 580/83	vB; 13:50 Uhr	4,38	-	-
L 581/84	vB; 13:50 Uhr	5,96	-	-
L 554/57	nR; 14:00 Uhr	4,3	-	-
L 555/58	nR; 14:00 Uhr	4,53	<i>C. jejuni</i>	-
L 556/59	nR; 14:00 Uhr	4,43	-	-
L 557/60	nR; 14:00 Uhr	4,49	-	<i>S. Typhimurium</i>
L 558/61	nR; 14:00 Uhr	4,7	-	<i>S. Typhimurium</i>
L 559/62	nR; 14:00 Uhr	4,72	-	-
L 560/63	nR; 14:00 Uhr	4,48	-	-
L 533/36	vK; 14:15 Uhr	4,15	<i>C. jejuni</i>	-
L 534/37	vK; 14:15 Uhr	3,72	-	-
L 535/38	vK; 14:15 Uhr	4,28	-	<i>S. Indiana</i>
L 536/39	vK; 14:15 Uhr	4,52	<i>C. spp.</i>	-
L 537/40	vK; 14:15 Uhr	3,94	-	-
L 538/41	vK; 14:15 Uhr	4,08	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 539/42	vK; 14:15 Uhr	4,45	<i>C. spp.</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 512/15	wK; 15:00 Uhr	4,26	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 513/16	wK; 15:00 Uhr	4,41	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 514/17	wK; 15:00 Uhr	3,88	<i>C. spp.</i>	-
L 515/18	wK; 15:00 Uhr	3,77	-	-
L 516/19	wK; 15:00 Uhr	4,92	-	-

Proben-Nr.	Probenahme- daten	aerobe Keimzahl [lg KbE/cm ²]	<i>Campylobacter</i>	<i>Salmonella</i>
L 517/20	wK; 15:00 Uhr	4,46	<i>C. spp.</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 518/21	wK; 15:00 Uhr	4,32	-	-
1. Betrieb, 2. Probenahmetag				
L 645/148	vB; 6:10 Uhr	5,0	-	-
L 646/149	vB; 6:10 Uhr	5,67	-	-
L 647/150	vB; 6:10 Uhr	5,86	<i>C. jejuni</i>	-
L 648/151	vB; 6:10 Uhr	5,53	-	-
L 649/152	vB; 6:10 Uhr	5,4	-	-
L 650/153	vB; 6:10 Uhr	5,41	-	-
L 651/154	vB; 6:10 Uhr	5,75	<i>C. jejuni</i>	-
L 624/127	nR; 6:20 Uhr	6,04	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 625/128	nR; 6:20 Uhr	5,88	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 626/129	nR; 6:20 Uhr	4,67	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Indiana</i>
L 627/130	nR; 6:20 Uhr	4,7	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 628/131	nR; 6:20 Uhr	5,4	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 629/132	nR; 6:20 Uhr	5,3	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Indiana</i>
L 630/133	nR; 6:20 Uhr	5,4	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 603/106	vK; 6:30 Uhr	5,64	-	<i>S. Typhimurium</i>
L 604/107	vK; 6:30 Uhr	4,58	-	<i>S. Indiana</i>
L 605/108	vK; 6:30 Uhr	5,0	-	<i>S. Heidelberg</i>
L 606/109	vK; 6:30 Uhr	5,36	-	<i>S. Indiana</i>
L 607/110	vK; 6:30 Uhr	5,41	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Indiana</i>
L 608/111	vK; 6:30 Uhr	5,53	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Agona</i>
L 609/112	vK; 6:30 Uhr	5,15	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 582/85	wK; 7:30 Uhr	5,15	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 583/86	wK; 7:30 Uhr	4,58	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 584/87	wK; 7:30 Uhr	5,08	-	<i>S. Indiana</i>
L 585/88	wK; 7:30 Uhr	5,23	-	<i>S. Indiana</i>
L 586/89	wK; 7:30 Uhr	4,4	<i>C. coli</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 587/90	wK; 7:30 Uhr	4,82	<i>C. spp.</i>	-

Proben-Nr.	Probenahme- daten	aerobe Keimzahl [lg KbE/cm²]	<i>Campylobacter</i>	<i>Salmonella</i>
L 588/91	wK; 7:30 Uhr	5,36	-	S. Indiana
L 652/155	vB; 10:00 Uhr	5,91	-	-
L 653/156	vB; 10:00 Uhr	5,77	-	-
L 654/157	vB; 10:00 Uhr	5,3	-	-
L 655/158	vB; 10:00 Uhr	5,89	-	-
L 656/159	vB; 10:00 Uhr	6,67	-	-
L 657/160	vB; 10:00 Uhr	6,64	-	-
L 658/161	vB; 10:00 Uhr	6,53	-	-
L 631/134	nR; 10:05 Uhr	7,18 (g)	-	S. Indiana
L 632/135	nR; 10:05 Uhr	6,88	C. spp.	S. Indiana
L 633/136	nR; 10:05 Uhr	6,61	C. spp.	S. Agona
L 634/137	nR; 10:05 Uhr	7,04 (g)	C. spp.	S. Indiana
L 635/138	nR; 10:05 Uhr	7,36 (g)	C. spp.	S. Indiana
L 636/139	nR; 10:05 Uhr	7,26 (g)	C. spp.	S. Indiana
L 637/140	nR; 10:05 Uhr	7,26 (g)	C. spp.	S. Agona
L 610/113	vK; 10:15 Uhr	6,84	C. jejuni	S. der Grp. B
L 611/114	vK; 10:15 Uhr	7,04 (g)	-	S. Indiana
L 612/115	vK; 10:15 Uhr	7,2 (g)	C. coli	S. Indiana
L 613/116	vK; 10:15 Uhr	7,26 (g)	-	S. Indiana
L 614/117	vK; 10:15 Uhr	7,28 (g)	-	S. der Grp. B
L 615/118	vK; 10:15 Uhr	7,08 (g)	-	S. Indiana
L 616/119	vK; 10:15 Uhr	7,04 (g)	C. jejuni	S. Typhimurium
L 589/92	wK; 11:25 Uhr	6,0	C. spp.	S. Indiana
L 590/93	wK; 11:25 Uhr	6,88	C. coli	S. Indiana
L 591/94	wK; 11:25 Uhr	5,82	C. spp.	S. Indiana
L 592/95	wK; 11:25 Uhr	6,43	C. jejuni	S. Indiana
L 593/96	wK; 11:25 Uhr	5,49	C. jejuni	S. Indiana
L 594/97	wK; 11:25 Uhr	6,11 (g)	-	S. Indiana
L 595/98	wK; 11:25 Uhr	6,86	C. spp.	S. Indiana
L 659/162	vB; 14:00 Uhr	4,72	C. jejuni	-

Proben-Nr.	Probenahme- daten	aerobe Keimzahl [lg KbE/cm ²]	<i>Campylobacter</i>	<i>Salmonella</i>
L 660/163	vB; 14:00 Uhr	4,23	-	-
L 661/164	vB; 14:00 Uhr	4,67	<i>C. jejuni</i>	-
L 662/165	vB; 14:00 Uhr	4,0	<i>C. jejuni</i>	-
L 663/166	vB; 14:00 Uhr	5,28	-	-
L 664/167	vB; 14:00 Uhr	5,04	<i>C. spp.</i>	-
L 665/168	vB; 14:00 Uhr	4,72	-	-
L 638/141	nR; 14:05 Uhr	5,67	<i>C. coli</i>	<i>S. Indiana</i>
L 639/142	nR; 14:05 Uhr	5,08	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 640/143	nR; 14:05 Uhr	4,58	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Indiana</i>
L 641/144	nR; 14:05 Uhr	3,4	<i>C. jejuni</i>	-
L 642/145	nR; 14:05 Uhr	4,26	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 643/146	nR; 14:05 Uhr	5,34	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Saintpaul</i>
L 644/147	nR; 14:05 Uhr	5,43	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 617/120	vK; 14:10 Uhr	4,53	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 618/121	vK; 14:10 Uhr	4,58	<i>C. spp.</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 619/122	vK; 14:10 Uhr	5,53	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Indiana</i>
L 620/123	vK; 14:10 Uhr	4,38	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Saintpaul</i>
L 621/124	vK; 14:10 Uhr	4,38	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 622/125	vK; 14:10 Uhr	4,20	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 623/126	vK; 14:10 Uhr	4,32	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 596/99	wK; 15:00 Uhr	4,11	-	-
L 597/100	wK; 15:00 Uhr	4,46	<i>C. coli</i>	<i>S. Indiana</i>
L 598/101	wK; 15:00 Uhr	4,49	-	<i>S. Heidelberg</i>
L 599/102	wK; 15:00 Uhr	4,38	<i>C. spp.</i>	<i>S. Indiana</i>
L 600/103	wK; 15:00 Uhr	4,28	-	-
L 601/104	wK; 15:00 Uhr	4,08	<i>C. spp.</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 602/105	wK; 15:00 Uhr	3,89	<i>C. spp.</i>	-
2. Betrieb, 1. Probenahmetag				
L 729/232	vB; 8:25 Uhr	4,23	<i>C. spp.</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 730/233	vB; 8:25 Uhr	6,4	<i>C. spp.</i>	<i>S. Heidelberg</i>

Proben-Nr.	Probenahme- daten	aerobe Keimzahl [lg KbE/cm²]	<i>Campylobacter</i>	<i>Salmonella</i>
L 731/234	vB ; 8:25 Uhr	4,2	<i>C. coli</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 732/235	vB ; 8:25 Uhr	3,99	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 733/236	vB ; 8:25 Uhr	3,64	<i>C. jejuni</i>	-
L 734/237	vB ; 8:25 Uhr	4,28	<i>C. lari</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 735/238	vB ; 8:25 Uhr	3,7	<i>C. spp.</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 708/211	nR ; 8:35 Uhr	3,45	<i>C. spp.</i>	-
L 709/212	nR ; 8:35 Uhr	3,43	<i>C. spp.</i>	-
L 710/213	nR ; 8:35 Uhr	3,45	<i>C. spp.</i>	-
L 711/214	nR ; 8:35 Uhr	3,3	-	-
L 712/215	nR ; 8:35 Uhr	4,94	<i>C. spp.</i>	-
L 713/216	nR ; 8:35 Uhr	3,53	<i>C. spp.</i>	-
L 714/217	nR ; 8:35 Uhr	2,97	<i>C. spp.</i>	-
L 687/190	vK ; 8:45 Uhr	4,23	<i>C. spp.</i>	-
L 688/191	vK ; 8:45 Uhr	4,38	<i>C. spp.</i>	-
L 689/192	vK ; 8:45 Uhr	3,36	<i>C. spp.</i>	-
L 690/193	vK ; 8:45 Uhr	4,3	<i>C. spp.</i>	-
L 691/194	vK ; 8:45 Uhr	4,45	<i>C. spp.</i>	-
L 692/195	vK ; 8:45 Uhr	6,15	<i>C. spp.</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 693/196	vK ; 8:45 Uhr	6,04	<i>C. spp.</i>	-
L 666/169	wK ; 9:55 Uhr	6,53	<i>C. spp.</i>	-
L 667/170	wK ; 9:55 Uhr	3,89	<i>C. spp.</i>	-
L 668/171	wK ; 9:55 Uhr	5,75	<i>C. spp.</i>	<i>S. Saintpaul</i>
L 669/172	wK ; 9:55 Uhr	4,28	<i>C. spp.</i>	-
L 670/173	wK ; 9:55 Uhr	4,32	<i>C. spp.</i>	-
L 671/174	wK ; 9:55 Uhr	4,58	<i>C. spp.</i>	-
L 743/246	vB ; 11:30 Uhr	5,67	<i>C. jejuni</i>	-
L 744/247	vB ; 11:30 Uhr	5,18	<i>C. jejuni</i>	-
L 745/248	vB ; 11:30 Uhr	5,61	<i>C. jejuni</i>	-
L 746/249	vB ; 11:30 Uhr	5,77	-	<i>S. Heidelberg</i>
L 747/250	vB ; 11:30 Uhr	5,53	<i>C. jejuni</i>	-

Proben-Nr.	Probenahme- daten	aerobe Keimzahl [lg KbE/cm²]	<i>Campylobacter</i>	<i>Salmonella</i>
L 748/251	vB ; 11:30 Uhr	5,15	-	-
L 749/252	vB ; 11:30 Uhr	5,7	<i>C. spp.</i>	-
L 715/218	nR ; 11:40 Uhr	4,64	<i>C. spp.</i>	-
L 716/219	nR ; 11:40 Uhr	4,46	<i>C. spp.</i>	-
L 717/220	nR ; 11:40 Uhr	4,23	<i>C. spp.</i>	-
L 718/221	nR ; 11:40 Uhr	5,38	<i>C. spp.</i>	-
L 719/222	nR ; 11:40 Uhr	4,38	<i>C. spp.</i>	-
L 720/223	nR ; 11:40 Uhr	4,48	-	-
L 721/224	nR ; 11:40 Uhr	4,2	<i>C. spp.</i>	-
L 694/197	vK ; 11:45 Uhr	4,61	<i>C. spp.</i>	-
L 695/198	vK ; 11:45 Uhr	5,94	<i>C. spp.</i>	-
L 696/199	vK ; 11:45 Uhr	4,99	<i>C. spp.</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 697/200	vK ; 11:45 Uhr	5,67	<i>C. spp.</i>	-
L 698/201	vK ; 11:45 Uhr	5,7	<i>C. spp.</i>	-
L 699/202	vK ; 11:45 Uhr	4,64	<i>C. spp.</i>	-
L 700/203	vK ; 11:45 Uhr	5,15	<i>C. spp.</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 673/176	wK ; 12:50 Uhr	6,38	<i>C. spp.</i>	-
L 674/177	wK ; 12:50 Uhr	5,64	<i>C. spp.</i>	-
L 675/178	wK ; 12:50 Uhr	6,11	<i>C. spp.</i>	-
L 676/179	wK ; 12:50 Uhr	5,58	<i>C. spp.</i>	-
L 677/180	wK ; 12:50 Uhr	6,45	<i>C. lari</i>	-
L 678/181	wK ; 12:50 Uhr	6,08	<i>C. spp.</i>	-
L 679/182	wK ; 12:50 Uhr	6,04	<i>C. lari</i>	-
L 736/239	vB ; 14:30 Uhr	3,7	<i>C. jejuni</i>	-
L 737/240	vB ; 14:30 Uhr	5,15	<i>C. spp.</i>	-
L 738/241	vB ; 14:30 Uhr	5,26	<i>C. jejuni</i>	-
L 739/242	vB ; 14:30 Uhr	4,67	<i>C. jejuni</i>	-
L 740/243	vB ; 14:30 Uhr	4,7	<i>C. jejuni</i>	-
L 741/244	vB ; 14:30 Uhr	4,7	<i>C. jejuni</i>	-
L 742/245	vB ; 14:30 Uhr	4,58	<i>C. jejuni</i>	-

Proben-Nr.	Probenahme- daten	aerobe Keimzahl [lg KbE/cm²]	<i>Campylobacter</i>	<i>Salmonella</i>
L 722/225	nR; 14:35 Uhr	3,82	<i>C. spp.</i>	-
L 723/226	nR; 14:35 Uhr	3,92	-	-
L 724/227	nR; 14:35 Uhr	4,64	-	-
L 725/228	nR; 14:35 Uhr	4,89	-	-
L 726/229	nR; 14:35 Uhr	3,53	<i>C. spp.</i>	-
L 727/230	nR; 14:35 Uhr	4,15	<i>C. jejuni</i>	-
L 728/231	nR; 14:35 Uhr	3,72	<i>C. jejuni</i>	-
L 701/204	vK; 14:40 Uhr	4,38	<i>C. jejuni</i>	-
L 702/205	vK; 14:40 Uhr	5,04	<i>C. spp.</i>	-
L 703/206	vK; 14:40 Uhr	5,3	<i>C. spp.</i>	-
L 704/207	vK; 14:40 Uhr	5,8	<i>C. jejuni</i>	-
L 705/208	vK; 14:40 Uhr	5,72	<i>C. spp.</i>	-
L 706/209	vK; 14:40 Uhr	5,08	<i>C. spp.</i>	-
L 707/210	vK; 14:40 Uhr	4,58	<i>C. spp.</i>	-
L 680/183	wK; 15:30 Uhr	6,11	<i>C. spp.</i>	-
L 681/184	wK; 15:30 Uhr	5,64	<i>C. spp.</i>	-
L 682/185	wK; 15:30 Uhr	4,99	<i>C. spp.</i>	-
L 683/186	wK; 15:30 Uhr	5,49	<i>C. jejuni</i>	-
L 684/187	wK; 15:30 Uhr	5,49	<i>C. spp.</i>	<i>S. Saintpaul</i>
L 685/188	wK; 15:30 Uhr	5,0	<i>C. jejuni</i>	-
L 686/189	wK; 15:30 Uhr	5,15	<i>C. jejuni</i>	-
2. Betrieb, 2. Probenahmetag				
L 827/330	vB; 6:10 Uhr	4,11	<i>C. jejuni</i>	-
L 828/331	vB; 6:10 Uhr	4,3	<i>C. spp.</i>	-
L 829/332	vB; 6:10 Uhr	4,45	<i>C. spp.</i>	-
L 830/333	vB; 6:10 Uhr	3,92	<i>C. spp.</i>	-
L 831/334	vB; 6:10 Uhr	4,3	<i>C. jejuni</i>	-
L 832/335	vB; 6:10 Uhr	4,41	<i>C. jejuni</i>	-
L 833/336	vB; 6:10 Uhr	4,61	<i>C. spp.</i>	-
L 792/295	nR; 6:15 Uhr	3,91	<i>C. lari</i>	<i>S. Typhimurium</i>

Proben-Nr.	Probenahme- daten	aerobe Keimzahl [lg KbE/cm²]	<i>Campylobacter</i>	<i>Salmonella</i>
L 793/296	nR ; 6:15 Uhr	3,64	<i>C. lari</i>	-
L 794/297	nR ; 6:15 Uhr	4,2	<i>C. jejuni</i>	-
L 795/298	nR ; 6:15 Uhr	3,92	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 796/299	nR ; 6:15 Uhr	3,89	<i>C. lari</i>	-
L 797/300	nR ; 6:15 Uhr	3,53	<i>C. spp.</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 798/301	nR ; 6:15 Uhr	3,38	<i>C. jejuni</i>	-
L 771/274	vK ; 6:20Uhr	7,0 (g)	<i>C. spp.</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 772/275	vK ; 6:20Uhr	7,08 (g)	<i>C. spp.</i>	-
L 773/276	vK ; 6:20Uhr	7,0 (g)	-	<i>S. Typhimurium</i>
L 774/277	vK ; 6:20Uhr	7,15 (g)	<i>C. lari</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 775/278	vK ; 6:20Uhr	7,18 (g)	<i>C. lari</i>	-
L 776/279	vK ; 6:20Uhr	7,26 (g)	<i>C. spp.</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 777/280	vK ; 6:20Uhr	7,23 (g)	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 750/253	wK ; 7:25 Uhr	5,41	<i>C. spp.</i>	-
L 751/254	wK ; 7:25 Uhr	5,49	<i>C. lari</i>	-
L 752/255	wK ; 7:25 Uhr	5,72	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 753/256	wK ; 7:25 Uhr	5,67	<i>C. jejuni</i>	-
L 754/257	wK ; 7:25 Uhr	6,26	<i>C. spp.</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 755/258	wK ; 7:25 Uhr	5,99	<i>C. spp.</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 756/259	wK ; 7:25 Uhr	5,36	<i>C. jejuni</i>	-
L 820/323	vB ; 10:05 Uhr	4,7	<i>C. spp.</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 821/324	vB ; 10:05 Uhr	4,46	<i>C. spp.</i>	-
L 822/325	vB ; 10:05 Uhr	5,2	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 823/326	vB ; 10:05 Uhr	4,61	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 824/327	vB ; 10:05 Uhr	4,89	<i>C. spp.</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 825/328	vB ; 10:05 Uhr	4,18 (g)	<i>C. jejuni</i>	-
L 826/329	vB ; 10:05 Uhr	5,28	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 799/302	nR ; 10:10 Uhr	3,64	<i>C. jejuni</i>	-
L 800/303	nR ; 10:10 Uhr	3,45	<i>C. spp.</i>	-
L 801/304	nR ; 10:10 Uhr	3,45	<i>C. jejuni</i>	-

Proben-Nr.	Probenahme- daten	aerobe Keimzahl [lg KbE/cm²]	<i>Campylobacter</i>	<i>Salmonella</i>
L 802/305	nR; 10:10 Uhr	3,53	<i>C. lari</i>	-
L 803/306	nR; 10:10 Uhr	3,89	<i>C. lari</i>	-
L 804/307	nR; 10:10 Uhr	3,92	<i>C. jejuni</i>	-
L 805/308	nR; 10:10 Uhr	3,53	-	-
L 778/281	vK; 10:15 Uhr	7,2 (g)	<i>C. jejuni</i>	-
L 779/282	vK; 10:15 Uhr	7,2 (g)	<i>C. jejuni</i>	-
L 780/283	vK; 10:15 Uhr	7,11 (g)	<i>C. jejuni</i>	-
L 781/284	vK; 10:15 Uhr	6,82	<i>C. jejuni</i>	-
L 782/285	vK; 10:15 Uhr	4,94	<i>C. jejuni</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 783/286	vK; 10:15 Uhr	5,0	<i>C. spp.</i>	-
L 784/287	vK; 10:15 Uhr	4,45	<i>C. jejuni</i>	-
L 757/260	wK; 11:20 Uhr	4,88	<i>C. jejuni</i>	-
L 758/261	wK; 11:20 Uhr	4,28	<i>C. jejuni</i>	-
L 759/262	wK; 11:20 Uhr	3,45	<i>C. spp.</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 760/263	wK; 11:20 Uhr	5,11	<i>C. jejuni</i>	-
L 761/264	wK; 11:20 Uhr	6,61	<i>C. spp.</i>	-
L 762/265	wK; 11:20 Uhr	5,36	<i>C. jejuni</i>	-
L 763/266	wK; 11:20 Uhr	4,49	<i>C. spp.</i>	-
L 813/316	vB; 14:00 Uhr	4,28	<i>C. coli</i>	-
L 814/317	vB; 14:00 Uhr	5,15	<i>C. coli</i>	-
L 815/318	vB; 14:00 Uhr	4,64	<i>C. coli</i>	-
L 816/319	vB; 14:00 Uhr	4,58	<i>C. spp.</i>	-
L 817/320	vB; 14:00 Uhr	4,82	<i>C. coli</i>	-
L 818/321	vB; 14:00 Uhr	4,77	<i>C. coli</i>	-
L 819/322	vB; 14:00 Uhr	4,72	<i>C. coli</i>	-
L 806/309	nR; 14:05 Uhr	4,49	<i>C. coli</i>	-
L 807/310	nR; 14:05 Uhr	3,58	<i>C. coli</i>	-
L 808/311	nR; 14:05 Uhr	4,18	<i>C. coli</i>	-
L 809/312	nR; 14:05 Uhr	4,0	<i>C. coli</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 810/313	nR; 14:05 Uhr	3,58	<i>C. coli</i>	-

Proben-Nr.	Probenahme- daten	aerobe Keimzahl [lg KbE/cm²]	<i>Campylobacter</i>	<i>Salmonella</i>
L 811/314	nR ; 14:05 Uhr	3,0	<i>C. coli</i>	-
L 812/315	nR ; 14:05 Uhr	4,04	<i>C. coli</i>	-
L 785/288	vK ; 14:10 Uhr	5,53	<i>C. coli</i>	-
L 786/289	vK ; 14:10 Uhr	5,7	<i>C. coli</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 787/290	vK ; 14:10 Uhr	5,53	<i>C. coli</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 788/291	vK ; 14:10 Uhr	5,61	<i>C. coli</i>	<i>S. Heidelberg</i>
L 789/292	vK ; 14:10 Uhr	5,72	<i>C. coli</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 790/293	vK ; 14:10 Uhr	5,4	<i>C. coli</i>	<i>S. Typhimurium</i>
L 791/294	vK ; 14:10 Uhr	5,49	<i>C. coli</i>	-
L 764/267	wK ; 15:10 Uhr	7,18 (g)	<i>C. coli</i>	-
L 765/268	wK ; 15:10 Uhr	7,11 (g)	<i>C. coli</i>	-
L 766/269	wK ; 15:10 Uhr	7,08 (g)	<i>C. coli</i>	-
L 767/270	wK ; 15:10 Uhr	6,11 (g)	<i>C. coli</i>	-
L 768/271	wK ; 15:10 Uhr	7,26 (g)	<i>C. coli</i>	-
L 769/272	wK ; 15:10 Uhr	7,04 (g)	<i>C. coli</i>	-
L 770/273	wK ; 15:10 Uhr	7,15 (g)	<i>C. coli</i>	<i>S. Heidelberg</i>

9.3. Phäno- und genotypische Charakterisierung der *Salmonella*-Isolate

In den folgenden Tabellen sind alle gewonnenen *Salmonella*-Isolate mit sämtlichen Angaben zum Probenahmeort und –zeitpunkt, dem Antibiogramm, Phagentyp, besonderen biochemischen Merkmalen sowie den mittels PFGE erhaltenen Bandenmustern ebenso aufgeführt wie die sich daraus ergebenden Stammbezeichnungen (Anhang 9.3).

9.4. Phäno- und genotypische Charakterisierung der *Campylobacter*-Isolate

In den Tabellen des Anhangs 9.4 sind alle gewonnenen *Campylobacter*-Isolate mit sämtlichen Angaben zum Probenahmeort und –zeitpunkt, den biochemischen Merkmalen sowie den mittels PFGE erhaltenen Bandenmustern ebenso aufgeführt wie die sich daraus ergebenden Stammbezeichnungen.

Proben-Nr.	Probenahmedaten	AMP	GEN	STR	AUG 2	KAN	SXT	CHL	NAL	TET	CIP	NEO	TMP	COL	SMX	XNL	FFN	SPE	PFGE		Stammbezeichnung
																			XbaI	SpeI	
S. Agona																					
Betrieb 1; 1. Probenahmetag																					
L 550/53	nR; 9:55 Uhr	R	R	R	R	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-5	-	a (S.Ag)
L 553/56	nR; 9:55 Uhr	S	R	R	S	S	S	I	S	S	S	S	S	S	R	S	S	R	X-5	-	b (S.Ag)
L 529/32	vK; 10:10Uhr	R	R	R	R	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-5	-	a (S.Ag)
L 531/34	vK; 10:10Uhr	S	R	R	S	S	S	I	S	S	S	S	S	S	R	S	S	R	X-5	-	b (S.Ag)
L 507/10	wK; 11:05 Uhr	R	R	R	R	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-5	-	a (S.Ag)
Betrieb 1, 2. Probenahmetag																					
L 608/111	vK; 6:30 Uhr	S	S	I	S	S	S	I	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-6	-	c (S.Ag)
L 633/136	nR; 10:05 Uhr	R	S	R	R	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	X-6	-	d (S.Ag)
L 637/140	nR; 10:05 Uhr	S	S	I	S	S	S	I	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-6	-	c (S.Ag)
S. der Gruppe B																					
Betrieb 1; 1. Probenahmetag																					
L 610/113	vK; 10:15 Uhr	S	S	I	S	S	S	I	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-7	-	H (S.Grp.B)
L 614/117	vK; 10:15 Uhr	S	S	I	S	S	S	I	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-7	-	H (S.Grp.B)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	AMP	GEN	STR	AUG 2	KAN	SXT	CHL	NAL	TET	CIP	NEO	TMP	COL	SMX	XNL	FFN	SPE	PFGE		Stammbezeichnung
																			XbaI	SpeI	
																			Anmerkungen		
S. Heidelberg																					
Betrieb 1; 1. Probenahmetag																					
L 528/31	vK; 10:10Uhr	S	S	R	S	R	S	I	S	S	S	R	S	S	S	S	S	R	X-2-1	Sp-11-2	j (S.Hei)
Betrieb 1, 2. Probenahmetag																					
L 605/108	vK; 6:30 Uhr	S	S	I	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	S	S	S	R	X-2-3	-	l (S.Hei)
L 639/142	nR; 14:05 Uhr	R	S	R	R	S	S	R	S	R	S	S	S	S	R	S	I	R	X-2-2	Sp-11-3	k (S.Hei)
L 642/145		R	S	R	R	S	S	R	S	R	S	S	S	S	R	S	R	R	X-2-2	Sp-11-4	L (S.Hei)
L 598/101	wK; 15:00 Uhr	R	S	R	R	S	S	R	S	R	S	S	S	S	R	S	R	R	X-2-2	Sp-11-3	k (S.Hei)
Betrieb 2, 1. Probenahmetag																					
L 729/232	vB; 8:25 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2	-	f (S.Hei)
																			H₂S neg		
L 730/233	vB; 8:25 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2	-	e (S.Hei)
L 731/234	vB; 8:25 Uhr	S	S	I	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2	-	e (S.Hei)
L 732/235	vB; 8:25 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2	-	e (S.Hei)
L 734/237	vB; 8:25 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2	-	e (S.Hei)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	AMP	GEN	STR	AUG 2	KAN	SXT	CHL	NAL	TET	CIP	NEO	TMP	COL	SMX	XNL	FFN	SPE	PFGE		Stammbezeichnung
																			<i>Xba</i> I	<i>Spe</i> I	
																			Anmerkungen		
L 735/238	vB; 8:25 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2	-	f (S.Hei)
																			H ₂ S neg		
L 692/195	vK; 8:45 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-1;	Sp-11-2	g (S.Hei)
L 746/249	vB; 11:30 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2	-	f (S.Hei)
																			H ₂ S neg		
L 696/199	vK; 11:45 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2	-	e (S.Hei)
L 700/203	vK; 11:45 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-1	Sp-11-2	g (S.Hei)
Betrieb 2, 2. Probenahmetag																					
L 797/300	nR; 6:15 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	X-2-1	Sp-11-2	i (S.Hei)
L 771/274	vK; 6:20Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-1	Sp-11-2	h (S.Hei)
																			H ₂ S neg		
L 754/257	wK; 7:25 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-1	Sp-11-2	g (S.Hei)
L 755/258	wK; 7:25 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-1	Sp-11-2	h (S.Hei)
																			H ₂ S neg		
L 824/327	vB; 10:05 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	X-2-1	Sp-11-2	i (S.Hei)
L 759/262	wK; 11:20 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-1	Sp-11-2	g (S.Hei)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	AMP	GEN	STR	AUG 2	KAN	SXT	CHL	NAL	TET	CIP	NEO	TMP	COL	SMX	XNL	FFN	SPE	PFGE		Stammbezeichnung	
																			<i>Xba</i> I	<i>Spe</i> I		
																			Anmerkungen			
L 788/291	vK; 14:10 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-1	Sp-11-2	g (S.Hei)
L 770/273	wK; 15:10 Uhr	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	R	S	S	R	S	I	R	R	X-2-4	Sp-11	m (S.Hei)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	AMP	GEN	STR	AUG 2	KAN	SXT	CHL	NAL	TET	CIP	NEO	TMP	COL	SMX	XNL	FFN	SPE	PFGE		Stammbezeichnung	
																			<i>Xba</i> I	<i>Spe</i> I		
																			Anmerkungen			
S. Saintpaul																						
Betrieb 1, 2. Probenahmetag																						
L 643/146	nR; 14:05 Uhr	R	S	R	I	S	S	I	R	S	I	S	S	S	R	S	I	R	R	X-2-2	Sp-11-4	I (S.Saint)
L 620/123	vK; 14:10 Uhr	R	I	R	R	I	S	R	R	I	R	S	S	R	R	R	R	R	R	X-9	-	J (S.Saint)
Betrieb 2, 1. Probenahmetag																						
L 668/171	wK; 9:55 Uhr	R	I	R	I	I	S	I	R	S	I	S	S	S	R	S	S	R	R	X-10	-	K(S.Saint)
L 684/187	wK; 15:30 Uhr	R	R	R	I	R	S	I	R	S	I	S	S	S	R	S	S	R	R	X-10	-	K(S.Saint)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	AMP	GEN	STR	AUG 2	KAN	SXT	CHL	NAL	TET	CIP	NEO	TMP	COL	SMX	XNL	FFN	SPE	PFGE		Stammbezeichnung
																			<i>Xba</i> I	<i>Spe</i> I	
<i>S. Indiana</i>																					
Betrieb 1; 1. Probenahmetag																					
L 541/44	nR ; 6:35 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 542/45	nR ; 6:35 Uhr	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 543/46	nR ; 6:35 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 544/47	nR ; 6:35 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<i>R</i>	R	S	S	<i>R</i>	X-4	Sp-13	p (S.In)
L 545/48	nR ; 6:35 Uhr	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 546/49	nR ; 6:35 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 520/23	vK ; 6:30 Uhr	S	S	I	S	S	S	S	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 521/24	vK ; 6:30 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 522/25	vK ; 6:30 Uhr	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	<i>R</i>	R	S	S	<i>R</i>	X-4	Sp-13	p (S.In)
L 524/27	vK ; 6:30 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 525/28	vK ; 6:30 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 498/1	wK ; 7:20 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 499/2	wK ; 7:20 Uhr	S	S	I	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 500/3	wK ; 7:20 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 502/5	wK ; 7:20 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	AMP	GEN	STR	AUG 2	KAN	SXT	CHL	NAL	TET	CIP	NEO	TMP	COL	SMX	XNL	FFN	SPE	PFGE		Stammbezeichnung
																			<i>Xba</i> I	<i>Spe</i> I	
L 503/6	wK; 7:20 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	R	R	S	S	R	X-4	Sp-13	p (S.In)
L 504/7	wK; 7:20 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 549/52	nR; 9:55 Uhr	S	S	I	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 526/29	vK; 10:10Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 535/38	vK; 14:15 Uhr	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
Betrieb 1, 2. Probenahmetag																					
L 624/127	nR; 6:20 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 625/128	nR; 6:20 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 626/129	nR; 6:20 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 627/130	nR; 6:20 Uhr	S	S	I	S	S	S	S	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 628/131	nR; 6:20 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	R	R	S	S	R	X-4	Sp-13	p (S.In)
L 629/132	nR; 6:20 Uhr	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 604/107	vK; 6:30 Uhr	S	S	I	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 606/109	vK; 6:30 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 607/110	vK; 6:30 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 609/112	vK; 6:30 Uhr	S	S	I	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 582/85	wK; 7:30 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	AMP	GEN	STR	AUG 2	KAN	SXT	CHL	NAL	TET	CIP	NEO	TMP	COL	SMX	XNL	FFN	SPE	PFGE		Stammbezeichnung
																			<i>Xba</i> I	<i>Spe</i> I	
L 583/86	wK; 7:30 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 584/87	wK; 7:30 Uhr	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 585/88	wK; 7:30 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 588/91	wK; 7:30 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	R	R	S	S	R	X-4	Sp-13	p (S.In)
L 631/134	nR; 10:05 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 632/135	nR; 10:05 Uhr	S	S	I	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 634/137	nR; 10:05 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	R	R	S	S	R	X-4	Sp-13	p (S.In)
L 635/138	nR; 10:05 Uhr	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 636/139	nR; 10:05 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 611/114	vK; 10:15 Uhr	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	R	R	S	S	R	X-4	Sp-13	p (S.In)
L 612/115	vK; 10:15 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 613/116	vK; 10:15 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 615/118	vK; 10:15 Uhr	S	S	I	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 589/92	wK; 11:25 Uhr	S	S	I	S	S	S	S	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 590/93	wK; 11:25 Uhr	S	S	I	S	S	S	S	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 591/94	wK; 11:25 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 592/95	wK; 11:25 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 593/96	wK; 11:25 Uhr	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	AMP	GEN	STR	AUG 2	KAN	SXT	CHL	NAL	TET	CIP	NEO	TMP	COL	SMX	XNL	FFN	SPE	PFGE		Stammbezeichnung
																			<i>Xba</i> I	<i>Spe</i> I	
L 594/97	wK; 11:25 Uhr	S	S	I	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 595/98	wK; 11:25 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 638/141	nR; 14:05 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 640/143	nR; 14:05 Uhr	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 644/147	nR; 14:05 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 617/120	vK; 14:10 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	X-4	Sp-13	n (S.In)
L 619/122	vK; 14:10 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 621/124	vK; 14:10 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 597/100	wK; 15:00 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)
L 599/102	wK; 15:00 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	R	S	S	S	<u>S</u>	R	S	S	<u>S</u>	X-4	Sp-13	o (S.In)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	AMP	GEN	STR	AUG 2	KAN	SXT	CHL	NAL	TET	CIP	NEO	TMP	COL	SMX	XNL	FFN	SPE	PFGE		Stammbezeichnung
																			XbaI	SpeI	
																			Phagentyp		
S. Typhimurium																					
Betrieb 1; 1. Probenahmetag																					
L 523/26	vK; 6:30 Uhr	S	S	R	S	S	S	I	S	S	S	S	S	S	R	S	S	R	X-8/ DT 104 L	-	x (S.Tm)
L 501/4	wK; 7:20 Uhr	R	S	R	R	S	<u>S</u>	I	<u>R</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	I	<u>R</u>	X-1/ RDNC	-	q (S.Tm)
L 552/55	nR; 9:55 Uhr	S	S	R	R	S	<u>S</u>	I	S	S	S	S	S	S	R	S	S	R	X-8 DT 104 L	-	y (S.Tm)
L 505/8	wK; 11:05 Uhr	R	S	R	R	S	<u>S</u>	I	<u>R</u>	R	S	S	S	<u>R</u>	R	I	I	<u>R</u>	X-1/ RDNC	-	r (S.Tm)
L 508/11		R	S	R	R	S	<u>S</u>	I	<u>S</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	I	<u>S</u>	X-1/ RDNC	-	s (S.Tm)
L 509/12		R	S	R	R	S	<u>S</u>	R	<u>R</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	R	I	<u>R</u>	X-1/ RDNC	-	q (S.Tm)
L 511/14		R	S	R	R	S	<u>S</u>	I	<u>R</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	I	<u>S</u>	X-1/ RDNC	-	t (S.Tm)
L 557/60	nR; 14:00 Uhr	R	S	R	R	S	<u>S</u>	R	<u>R</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	I	<u>R</u>	X-1/ RDNC	-	q (S.Tm)
L 558/61		R	S	R	R	S	<u>R</u>	I	<u>R</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	I	<u>R</u>	X-1/ RDNC	-	u (S.Tm)
L 538/41	vK; 14:15 Uhr	R	S	R	R	S	<u>S</u>	I	<u>R</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	I	<u>R</u>	X-1/ RDNC	-	q (S.Tm)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	AMP	GEN	STR	AUG 2	KAN	SXT	CHL	NAL	TET	CIP	NEO	TMP	COL	SMX	XNL	FFN	SPE	PFGE		Stammbezeichnung
																			<i>Xba</i> I	<i>Spe</i> I	
																			Phagentyp		
L 539/42		R	S	R	R	S	<u>S</u>	I	<u>S</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	I	<u>S</u>	X-1 / RDNC	-	s (S.Tm)
L 512/15	wK; 15:00 Uhr	R	S	R	R	S	<u>S</u>	I	<u>R</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	I	<u>S</u>	X-1 / RDNC	-	t (S.Tm)
L 513/16		S	S	R	S	S	S	I	S	S	S	S	S	R	R	S	S	R	X-8 DT 104 L	-	z (S.Tm)
L 517/20		R	S	R	R	S	<u>S</u>	I	<u>R</u>	S	S	S	S	<u>R</u>	R	I	I	<u>R</u>	X-1 / RDNC	-	v (S.Tm)
Betrieb 1, 2. Probenahmetag																					
L 630/133	nR; 6:20 Uhr	R	S	R	R	S	<u>S</u>	R	<u>R</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	I	<u>S</u>	X-1 / DT120	-	w (S.Tm)
L 603/106	vK; 6:30 Uhr	R	S	R	R	S	<u>S</u>	I	<u>R</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	I	<u>R</u>	X-1 / RDNC	-	q (S.Tm)
L 586/89	wK; 7:30 Uhr	R	S	R	R	S	<u>S</u>	R	<u>S</u>	R	S		S	<u>S</u>	R	I	I	<u>S</u>	X-1 / RDNC	-	s (S.Tm)
L 616/119	vK; 10:15 Uhr	R	S	R	R	S	<u>S</u>	R	<u>S</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	I	<u>S</u>	X-1 / RDNC	-	s (S.Tm)
L 618/121	vK; 14:10 Uhr	R	S	R	R	S	<u>S</u>	I	<u>S</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	I	<u>S</u>	X-1 / RDNC	-	s (S.Tm)
L 622/125		R	S	R	R	S	<u>S</u>	R	<u>R</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	R	<u>R</u>	X-1 / RDNC	-	q (S.Tm)
L 623/126		R	S	R	R	S	<u>S</u>	I	<u>R</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	I	<u>S</u>	X-1 / RDNC	-	t (S.Tm)
L 601/104	wK; 15:00 Uhr	R	S	R	R	S	<u>S</u>	I	<u>R</u>	R	S	S	S	<u>S</u>	R	I	I	<u>R</u>	X-1 /	-	q (S.Tm)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	AMP	GEN	STR	AUG 2	KAN	SXT	CHL	NAL	TET	CIP	NEO	TMP	COL	SMX	XNL	FFN	SPE	PFGE		Stammbezeichnung	
																			<i>Xba</i> I	<i>Spe</i> I		
																			Phagentyp			
																				RDNC		
Betrieb 2, 2. Probenahmetag																						
L 792/295	nR; 6:15 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-3 / RDNC	-	F (S.Tm)
L 795/298		S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-3 / RDNC	-	F (S.Tm)
L 773/276	vK; 6:20Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-3 / RDNC	-	F (S.Tm)
L 774/277		S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-3 / RDNC	-	F (S.Tm)
L 776/279		S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-3 / DT193	-	G (S.Tm)
L 777/280		S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-3 / RDNC	-	F (S.Tm)
L 752/255	wK; 7:25 Uhr	R	S	R	I	S	S	R	S	R	S	S	S	R	R	S	R	R	R	X-8 DT 104 L	-	A (S.Tm)
L 820/323	vB; 10:05 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-1/ RDNC	Sp-11-2	B (S.Tm)
L 822/325		S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-1/ RDNC	Sp-11-2	B (S.Tm)
L 823/326		S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-1/ DT193	Sp-11-2	D (S.Tm)
L 826/329		S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-1/	Sp-11-2	B (S.Tm)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	AMP	GEN	STR	AUG 2	KAN	SXT	CHL	NAL	TET	CIP	NEO	TMP	COL	SMX	XNL	FFN	SPE	PFGE		Stammbezeichnung	
																			<i>Xba</i> I	<i>Spe</i> I		
																			Phagentyp			
																				RDNC		
L 782/285	vK; 10:15 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-1/ RDNC	Sp-11-2	B (S.Tm)
L 809/312	nR; 14:05 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-1/ RDNC	Sp-11-2	B (S.Tm)
L 786/289	vK; 14:10 Uhr	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	X-2-1/ RDNC	Sp-11-2	C (S.Tm)
L 787/290		S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-4/ RDNC	Sp-11	E (S.Tm)
L 789/292		S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-4/ RDNC	Sp-11	E (S.Tm)
L 790/293		S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	X-2-4/ RDNC	Sp-11	E (S.Tm)

In der folgenden Tabelle sind die Minimalen Hemmkonzentrationen (MHKs) der getesteten antimikrobiell wirksamen Substanzen aufgeführt, nachdenen das oben angegebene Antibiogramm der *Salmonella*-Isolate erstellt worden ist.

Tab. 9-2: Antimikrobiell wirksame Substanzen zur Bestimmung der MHKs von Salmonella im Nationalen Referenzlabor für Salmonellen am BfR, Deutschland (16.06.2003)

Substanz	Abkürzung	getestete Konzentration in µg/ml	MHK – Breakpoint (µg/ml)			Quelle
			sensibel	intermediär	resistent	
Ampicillin	AMP	1 – 32	<= 8	16	>= 32	NCCLS
Amoxicillin/Clavulansäure	AUG 2	2/1 – 32/16	<= 8/4	16/8	>= 32/16	NCCLS

Substanz	Abkürzung	getestete Konzentration in µg/ml	MHK – Breakpoint (µg/ml)			Quelle
			sensibel	intermediär	resistent	
Ceftiofur	XNL	0,5 – 8	<= 2	4	>= 8	NCCLS
Chloramphenicol	CHL	2 – 64	<= 8	16	>= 32	NCCLS
Ciprofloxacin	CIP	0,03 – 4	<= 0,25	0,5 - 1	>= 2	modified *
Colistin	COL	4 – 64	<= 8	-	>= 16	DANMAP 2001
Florfenicol	FFN	2 – 64	<= 8	16	>= 32	DANMAP 2001
Gentamicin	GEN	1 – 32	<= 4	8	>= 16	NCCLS
Kanamycin	KAN	4 – 64	<= 16	32	>= 64	NCCLS
Nalidixinsäure	NAL	4 – 128	<= 16	-	>= 32	DANMAP 2001
Neomycin	NEO	2 – 32	<= 4	8	>= 16	DANMAP 2001
Sulphamethoxazol	SMX	32 – 512	<= 256	-	>= 512	NCCLS
Spectinomycin	SPE	2 – 128	<= 64	-	>= 128	DANMAP 2001
Streptomycin	STR	4 – 64	<= 8	16	>= 32	DANMAP 2001
Trimethoprim/Sulpha- methoxazol	SXT	1/19 – 8/152	<= 2/38	-	>= 4/76	NCCLS
Tetracyclin	TET	2 – 32	<= 4	8	>= 16	NCCLS
Trimethoprim	TMP	4 – 32	<= 8	-	>= 16	DANMAP 2001

* Wert des Enrofloxacin (NCCLS, M31-A)

Proben-Nr.	Probenahme- daten	<i>Campylo- bacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbe- zeichnung
			Hippurat- Hydrolyse	H ₂ S- Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Ce- phalotin	<i>Sma</i> I	<i>Kpn</i> I	
Betrieb 1; 1. Probenahmetag										
L 540/43	nR; 6:35 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			
L 541/44	nR; 6:35 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			
L 542/45	nR; 6:35 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			
L 543/46	nR; 6:35 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-20	Kpn-30	F (<i>C. coli</i>)
L 544/47	nR; 6:35 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-20	Kpn-29	E (<i>C. coli</i>)
L 545/48	nR; 6:35 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			
L 546/49	nR; 6:35 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			
L 504/7	wK; 7:20 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			
L 547/50	nR; 9:55 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			
L 548/51	nR; 9:55 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			
L 505/8	wK; 11:05 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			
L 508/11	wK; 11:05 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			
L 555/58	nR; 14:00 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-1	Kpn-1	a (<i>C. jejuni</i>)
L 533/36	vK; 14:15 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-1	Kpn-1	a (<i>C. jejuni</i>)
L 536/39	vK; 14:15 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			

Proben-Nr.	Probenahmedaten	<i>Campylobacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbezeichnung
			Hippurat-Hydrolyse	H ₂ S-Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Cephalotin	<i>SmaI</i>	<i>KpnI</i>	
L 538/41	vK ; 14:15 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-1	Kpn-1	a (<i>C. jejuni</i>)
L 539/42	vK ; 14:15 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			
L 512/15	wK ; 15:00 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-1	Kpn-1	a (<i>C. jejuni</i>)
L 513/16	wK ; 15:00 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-1	Kpn-1	a (<i>C. jejuni</i>)
L 514/17	wK ; 15:00 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R	Sma-1	Kpn-1	
L 517/20	wK ; 15:00 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R	Sma-1	Kpn-1	
1. Betrieb, 2. Probenahmetag										
L 647/150	vB ; 6:10 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-3	Kpn-4	g (<i>C. jejuni</i>)
L 651/154	vB ; 6:10 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-3	Kpn-4	g (<i>C. jejuni</i>)
L 624/127	nR ; 6:20 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 625/128	nR ; 6:20 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 626/129	nR ; 6:20 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-3	Kpn-4	g (<i>C. jejuni</i>)
L 627/130	nR ; 6:20 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 628/131	nR ; 6:20 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 629/132	nR ; 6:20 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-3	Kpn-4	g (<i>C. jejuni</i>)

Proben-Nr.	Probenahme- daten	<i>Campylo- bacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbe- zeichnung
			Hippurat- Hydrolyse	H ₂ S- Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Ce- phalotin	<i>SmaI</i>	<i>KpnI</i>	
L 630/133	nR ; 6:20 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-3	Kpn-4	g (<i>C. jejuni</i>)
L 607/110	vK ; 6:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-3	Kpn-4	g (<i>C. jejuni</i>)
L 608/111	vK ; 6:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-3	Kpn-4	g (<i>C. jejuni</i>)
L 609/112	vK ; 6:30 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 582/85	wK ; 7:30 Uhr	<i>C. spp.</i>	kW	-	kW	kW	kW			
L 583/86	wK ; 7:30 Uhr	<i>C. spp.</i>	kW	+	kW	kW	kW			
L 586/89	wK ; 7:30 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	nd	nd	
L 587/90	wK ; 7:30 Uhr	<i>C. spp.</i>	kW	-	kW	kW	kW			
L 632/135	nR ; 10:05 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 633/136	nR ; 10:05 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 634/137	nR ; 10:05 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			
L 635/138	nR ; 10:05 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 636/139	nR ; 10:05 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	R	R			
L 637/140	nR ; 10:05 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 610/113	vK ; 10:15 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2	Kpn-2	b (<i>C. jejuni</i>)
L 612/115	vK ; 10:15 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-7	Kpn-8	A (<i>C. coli</i>)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	<i>Campylobacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbezeichnung
			Hippurat-Hydrolyse	H ₂ S-Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Cephalotin	<i>SmaI</i>	<i>KpnI</i>	
L 616/119	vK ; 10:15 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2	Kpn-2	b (<i>C. jejuni</i>)
L 589/92	wK ; 11:25 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			
L 590/93	wK ; 11:25 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-19	Kpn-22	D (<i>C. coli</i>)
L 591/94	wK ; 11:25 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			
L 592/95	wK ; 11:25 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	nd	nd	
L 593/96	wK ; 11:25 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	na	na	
L 595/98	wK ; 11:25 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	S	R			
L 659/162	vB ; 14:00 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-4	Kpn-5	h (<i>C. jejuni</i>)
L 661/164	vB ; 14:00 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-1	Kpn-3	d (<i>C. jejuni</i>)
L 662/165	vB ; 14:00 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-1	Kpn-3	d (<i>C. jejuni</i>)
L 664/167	vB ; 14:00 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			
L 638/141	nR ; 14:05 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-5	Kpn-6	i (<i>C. coli</i>)
L 639/142	nR ; 14:05 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-1	Kpn-3	d (<i>C. jejuni</i>)
L 640/143	nR ; 14:05 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-1	Kpn-3	d (<i>C. jejuni</i>)
L 641/144	nR ; 14:05 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-1	Kpn-3	d (<i>C. jejuni</i>)
L 642/145	nR ; 14:05 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-1	Kpn-3	d (<i>C. jejuni</i>)

Proben-Nr.	Probenahme- daten	<i>Campylo- bacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbe- zeichnung
			Hippurat- Hydrolyse	H ₂ S- Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Ce- phalotin	<i>SmaI</i>	<i>KpnI</i>	
L 643/146	nR ; 14:05 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-1	Kpn-3	d (<i>C. jejuni</i>)
L 644/147	nR ; 14:05 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 617/120	vK ; 14:10 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 618/121	vK ; 14:10 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 619/122	vK ; 14:10 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-1	Kpn-3	d (<i>C. jejuni</i>)
L 620/123	vK ; 14:10 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-1	Kpn-3	d (<i>C. jejuni</i>)
L 621/124	vK ; 14:10 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R	Sma-2-1	Kpn-3	
L 622/125	vK ; 14:10 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-1	Kpn-3	d (<i>C. jejuni</i>)
L 623/126	vK ; 14:10 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-1	Kpn-3	d (<i>C. jejuni</i>)
L 597/100	wK ; 15:00 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	na	na	
L 599/102	wK ; 15:00 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 601/104	wK ; 15:00 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	R	R			
L 602/105	wK ; 15:00 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
2. Betrieb, 1. Probenahmetag										
L 729/232	vB ; 8:25 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			

Proben-Nr.	Probenahme- daten	<i>Campylo- bacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbe- zeichnung
			Hippurat- Hydrolyse	H ₂ S- Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Ce- phalotin	<i>SmaI</i>	<i>KpnI</i>	
L 730/233	vB; 8:25 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 731/234	vB; 8:25 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-14-1	Kpn-27	C (<i>C. coli</i>)
L 732/235	vB; 8:25 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-12	Kpn-17	m (<i>C. jejuni</i>)
L 733/236	vB; 8:25 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-12	Kpn-12	l (<i>C. jejuni</i>)
L 734/237	vB; 8:25 Uhr	<i>C. lari</i>	-	-	-	R	R	Sma-21	Kpn-11	M (<i>C. lari</i>)
L 735/238	vB; 8:25 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 708/211	nR; 8:35 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 709/212	nR; 8:35 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 710/213	nR; 8:35 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	S			
L 712/215	nR; 8:35 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 713/216	nR; 8:35 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 714/217	nR; 8:35 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	S			
L 687/190	vK; 8:45 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 688/191	vK; 8:45 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 689/192	vK; 8:45 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 690/193	vK; 8:45 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			

Proben-Nr.	Probenahme- daten	<i>Campylo- bacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbe- zeichnung
			Hippurat- Hydrolyse	H ₂ S- Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Ce- phalotin	<i>Sma</i> I	<i>Kpn</i> I	
L 691/194	vK ; 8:45 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 692/195	vK ; 8:45 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 693/196	vK ; 8:45 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	R	R			
L 666/169	wK ; 9:55 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 667/170	wK ; 9:55 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 668/171	wK ; 9:55 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 669/172	wK ; 9:55 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 670/173	wK ; 9:55 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 671/174	wK ; 9:55 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 743/246	vB ; 11:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-13	Kpn-28	o (<i>C. jejuni</i>)
L 744/247	vB ; 11:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-18	Kpn-10	t (<i>C. jejuni</i>)
L 745/248	vB ; 11:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-13	Kpn-28	o (<i>C. jejuni</i>)
L 747/250	vB ; 11:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-13	Kpn-16	n (<i>C. jejuni</i>)
L 749/252	vB ; 11:30 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 715/218	nR ; 11:40 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 716/219	nR ; 11:40 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			

Proben-Nr.	Probenahme- daten	<i>Campylo- bacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbe- zeichnung
			Hippurat- Hydrolyse	H ₂ S- Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Ce- phalotin	<i>Sma</i> I	<i>Kpn</i> I	
L 717/220	nR ; 11:40 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 718/221	nR ; 11:40 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 719/222	nR ; 11:40 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 721/224	nR ; 11:40 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 694/197	vK ; 11:45 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 695/198	vK ; 11:45 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 696/199	vK ; 11:45 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 697/200	vK ; 11:45 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 698/201	vK ; 11:45 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 699/202	vK ; 11:45 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 700/203	vK ; 11:45 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 673/176	wK ; 12:50 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 674/177	wK ; 12:50 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 675/178	wK ; 12:50 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 676/179	wK ; 12:50 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 677/180	wK ; 12:50 Uhr	<i>C. lari</i>	-	-	-	R	R	Sma-9	Kpn-13	K (<i>C. lari</i>)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	<i>Campylobacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbezeichnung
			Hippurat-Hydrolyse	H ₂ S-Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Cephalotin	<i>SmaI</i>	<i>KpnI</i>	
L 678/181	wK; 12:50 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 679/182	wK; 12:50 Uhr	<i>C. lari</i>	-	-	-	R	R	Sma-9	Kpn-13	K (<i>C. lari</i>)
L 736/239	vB; 14:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-10	Kpn-9	j (<i>C. jejuni</i>)
L 737/240	vB; 14:30 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			
L 738/241	vB; 14:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-10-1	Kpn-9	k (<i>C. jejuni</i>)
L 739/242	vB; 14:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-10	Kpn-9	j (<i>C. jejuni</i>)
L 740/243	vB; 14:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-10	Kpn-9	j (<i>C. jejuni</i>)
L 741/244	vB; 14:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-10	Kpn-9	j (<i>C. jejuni</i>)
L 742/245	vB; 14:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2	Kpn-10	c (<i>C. jejuni</i>)
L 722/225	nR; 14:35 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			
L 726/229	nR; 14:35 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			
L 727/230	nR; 14:35 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-17	Kpn-15	s (<i>C. jejuni</i>)
L 728/231	nR; 14:35 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-1	Kpn-10	e (<i>C. jejuni</i>)
L 701/204	vK; 14:40 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-10	Kpn-9	j (<i>C. jejuni</i>)
L 702/205	vK; 14:40 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	kW	kW			
L 703/206	vK; 14:40 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			

Proben-Nr.	Probenahmedaten	<i>Campylobacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbezeichnung
			Hippurat-Hydrolyse	H ₂ S-Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Cephalotin	<i>SmaI</i>	<i>KpnI</i>	
L 704/207	vK; 14:40 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	na	na	
L 705/208	vK; 14:40 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 706/209	vK; 14:40 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			
L 707/210	vK; 14:40 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			
L 680/183	wK; 15:30 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	kW	kW	kW			
L 681/184	wK; 15:30 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 682/185	wK; 15:30 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 683/186	wK; 15:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2	Kpn-10	c (<i>C. jejuni</i>)
L 684/187	wK; 15:30 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	kW	kW	kW			
L 685/188	wK; 15:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-25	Kpn-10	v (<i>C. jejuni</i>)
L 686/189	wK; 15:30 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-26	Kpn-15	w (<i>C. jejuni</i>)
2. Betrieb, 2. Probenahmetag										
L 827/330	vB; 6:10 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-27	Kpn-4-1	x (<i>C. jejuni</i>)
L 828/331	vB; 6:10 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	kW	kW			
L 829/332	vB; 6:10 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	kW	kW			
L 830/333	vB; 6:10 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	kW	kW			

Proben-Nr.	Probenahme- daten	<i>Campylo- bacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbe- zeichnung
			Hippurat- Hydrolyse	H ₂ S- Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Ce- phalotin	<i>SmaI</i>	<i>KpnI</i>	
L 831/334	vB ; 6:10 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-16	Kpn-20	q (<i>C. jejuni</i>)
L 832/335	vB ; 6:10 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-23	Kpn-25	u (<i>C. jejuni</i>)
L 833/336	vB ; 6:10 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	kW	kW			
L 792/295	nR ; 6:15 Uhr	<i>C. lari</i>	-	-	-	R	R	Sma-14	Kpn-18	L (<i>C. lari</i>)
L 793/296	nR ; 6:15 Uhr	<i>C. lari</i>	-	-	-	R	R	Sma-14	Kpn-18	L (<i>C. lari</i>)
L 794/297	nR ; 6:15 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-16	Kpn-20-1	r (<i>C. jejuni</i>)
L 795/298	nR ; 6:15 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-16	Kpn-20	q (<i>C. jejuni</i>)
L 796/299	nR ; 6:15 Uhr	<i>C. lari</i>	-	-	-	R	R	Sma-22	Kpn-24	N (<i>C. lari</i>)
L 797/300	nR ; 6:15 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 798/301	nR ; 6:15 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-23	Kpn-25	u (<i>C. jejuni</i>)
L 771/274	vK ; 6:20Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	-	R	R			
L 772/275	vK ; 6:20Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			
L 774/277	vK ; 6:20Uhr	<i>C. lari</i>	-	-	-	R	R	Sma-14	Kpn-18	L (<i>C. lari</i>)
L 775/278	vK ; 6:20Uhr	<i>C. lari</i>	-	-	-	R	R	Sma-14	Kpn-18	L (<i>C. lari</i>)
L 776/279	vK ; 6:20Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			
L 777/280	vK ; 6:20Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-2	Kpn-2	f (<i>C. jejuni</i>)

Proben-Nr.	Probenahme- daten	<i>Campylo- bacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbe- zeichnung
			Hippurat- Hydrolyse	H ₂ S- Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Ce- phalotin	<i>SmaI</i>	<i>KpnI</i>	
L 750/253	wK; 7:25 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			
L 751/254	wK; 7:25 Uhr	<i>C. lari</i>	-	-	-	R	R	Sma-14	Kpn-18	L (<i>C. lari</i>)
L 752/255	wK; 7:25 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-15	Kpn-19	p (<i>C. jejuni</i>)
L 753/256	wK; 7:25 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-16	Kpn-20	q (<i>C. jejuni</i>)
L 754/257	wK; 7:25 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	-	-	kW	kW			
L 755/258	wK; 7:25 Uhr	<i>C. spp.</i>	-	+	+	S	R			
L 756/259	wK; 7:25 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-15	Kpn-19	p (<i>C. jejuni</i>)
L 820/323	vB; 10:05 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			
L 821/324	vB; 10:05 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			
L 822/325	vB; 10:05 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2	Kpn-2	b (<i>C. jejuni</i>)
L 823/326	vB; 10:05 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2	Kpn-2	b (<i>C. jejuni</i>)
L 824/327	vB; 10:05 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			
L 825/328	vB; 10:05 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2	Kpn-2	b (<i>C. jejuni</i>)
L 826/329	vB; 10:05 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2	Kpn-2	b (<i>C. jejuni</i>)
L 799/302	nR; 10:10 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-2	Kpn-2	f (<i>C. jejuni</i>)
L 800/303	nR; 10:10 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			

Proben-Nr.	Probenahme- daten	<i>Campylo- bacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbe- zeichnung
			Hippurat- Hydrolyse	H ₂ S- Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Ce- phalotin	<i>Sma</i> I	<i>Kpn</i> I	
L 801/304	nR ; 10:10 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-2	Kpn-2	f (<i>C. jejuni</i>)
L 802/305	nR ; 10:10 Uhr	<i>C. lari</i>	-	-	-	R	R	Sma-2-2	Kpn-2	J (<i>C. lari</i>)
L 803/306	nR ; 10:10 Uhr	<i>C. lari</i>	-	-	-	R	R	Sma-24	Kpn-26	O (<i>C. lari</i>)
L 804/307	nR ; 10:10 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-2	Kpn-2	f (<i>C. jejuni</i>)
L 778/281	vK ; 10:15 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-2	Kpn-2	f (<i>C. jejuni</i>)
L 779/282	vK ; 10:15 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-2	Kpn-2	f (<i>C. jejuni</i>)
L 780/283	vK ; 10:15 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-2	Kpn-2	f (<i>C. jejuni</i>)
L 781/284	vK ; 10:15 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-2	Kpn-2	f (<i>C. jejuni</i>)
L 782/285	vK ; 10:15 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-2	Kpn-2	f (<i>C. jejuni</i>)
L 783/286	vK ; 10:15 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	-	-	R	R			
L 784/287	vK ; 10:15 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-2	Kpn-2	f (<i>C. jejuni</i>)
L 757/260	wK ; 11:20 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-2	Kpn-2	f (<i>C. jejuni</i>)
L 758/261	wK ; 11:20 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-2	Kpn-2	f (<i>C. jejuni</i>)
L 759/262	wK ; 11:20 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 760/263	wK ; 11:20 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-2	Kpn-2	f (<i>C. jejuni</i>)
L 761/264	wK ; 11:20 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			

Proben-Nr.	Probenahmedaten	<i>Campylobacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbezeichnung
			Hippurat-Hydrolyse	H ₂ S-Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Cephalotin	<i>SmaI</i>	<i>KpnI</i>	
L 762/265	wK; 11:20 Uhr	<i>C. jejuni</i>	+	-	-	S	R	Sma-2-2	Kpn-2	f (<i>C. jejuni</i>)
L 763/266	wK; 11:20 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 813/316	vB; 14:00 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 814/317	vB; 14:00 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 815/318	vB; 14:00 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 816/319	vB; 14:00 Uhr	<i>C. spp.</i>	+	+	-	S	R			
L 817/320	vB; 14:00 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 818/321	vB; 14:00 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 819/322	vB; 14:00 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 806/309	nR; 14:05 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 807/310	nR; 14:05 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 808/311	nR; 14:05 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 809/312	nR; 14:05 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 810/313	nR; 14:05 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 811/314	nR; 14:05 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 812/315	nR; 14:05 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)

Proben-Nr.	Probenahmedaten	<i>Campylobacter</i>	Biochemie-Differenzierung					PFGE		Stammbezeichnung
			Hippurat-Hydrolyse	H ₂ S-Bildung	Wachstum bei 25°C	Resistenz gegen Nalidixin	Resistenz gegen Cephalotin	<i>SmaI</i>	<i>KpnI</i>	
L 785/288	vK; 14:10 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	nd	Kpn-23	
L 786/289	vK; 14:10 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-29	Kpn-23	I (<i>C. coli</i>)
L 787/290	vK; 14:10 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 788/291	vK; 14:10 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 789/292	vK; 14:10 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 790/293	vK; 14:10 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21	Kpn-23	G (<i>C. coli</i>)
L 791/294	vK; 14:10 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-21-1	Kpn-23	H (<i>C. coli</i>)
L 764/267	wK; 15:10 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-11	Kpn-23	B (<i>C. coli</i>)
L 765/268	wK; 15:10 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-11	Kpn-23	B (<i>C. coli</i>)
L 766/269	wK; 15:10 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-11	Kpn-23	B (<i>C. coli</i>)
L 767/270	wK; 15:10 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-11	Kpn-23	B (<i>C. coli</i>)
L 768/271	wK; 15:10 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-11	Kpn-23	B (<i>C. coli</i>)
L 769/272	wK; 15:10 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-11	Kpn-23	B (<i>C. coli</i>)
L 770/273	wK; 15:10 Uhr	<i>C. coli</i>	-	+	-	S	R	Sma-11	Kpn-23	B (<i>C. coli</i>)

Legende:

kW = kein Wachstum

na = nicht angewachsen

nd = nicht darstellbar

VORABVERÖFFENTLICHUNGEN VON TEILEN DER DISSERTATION

Teilergebnisse dieser Arbeit wurden auf der 43. Arbeitstagung des „Arbeitsgebietes Lebensmittelhygiene“ der DVG in Garmisch-Partenkirchen vom 24. - 27.09.2002 unter dem Titel „Varianten in der Brüh- und Rupftechnik bei der Gewinnung von Putenfleisch: mikrobiologische Gegenüberstellung“ (Grabowski, C., Strauß-Ellermann, H., Agthe, V., und Fries, R.) veröffentlicht.

Des weiteren erfolgte eine Veröffentlichung im Rahmen der Veranstaltung „European Branches of WPSA, Meeting of Working Group 10 (Turkey)“ vom 28.2. – 01.03.2003 in Berlin mit dem Titel „Salmonella and Campylobacter in scalding and defeathering using two different scalding techniques“ (Fries, R., Grabowski, C., Strauß-Ellermann, H., Bertram, J., und Agthe, V.).

Unter dem Titel „*Salmonella*vorkommen in der Fleischgewinnung beim Geflügel (Puten) – Darstellung durch Pulsfeld-Gelelektrophorese (PFGE)“ wurden Teile dieser Dissertation auf dem 22. Jenaer Symposium „Zoonosen des Geflügels“ am 09. und 10.09.2003 in Jena veröffentlicht (Grabowski, C., Dünnebier, K., Bräutigam, L., Strauß-Ellermann, H., Agthe, V., Bertram, J., und Fries, R.).

Teile dieser Dissertation wurden mit dem Titel „Vertikaler Transfer von *Salmonella* und *Campylobacter* innerhalb eines Putenschlachtbetriebes“ bei der 8. Fachtagung Fleisch- und Geflügelfleischhygiene in Berlin, einer Veranstaltung des Instituts für Fleischhygiene und –technologie der Freien Universität Berlin, am 04. und 05.03.2008 veröffentlicht (Fries, R., und Grabowski, C.).

DANKSAGUNG

Mein besonderer Dank gilt Herrn Prof. Dr. R. Fries für das Überlassen des Themas und die freundliche Unterstützung während der Anfertigung dieser Arbeit.

Frau Dr. H. Strauß-Ellermann sowie Frau Dr. V. Agthe und Herrn Dr. J. Bertram danke ich für die Möglichkeit der Probenahme in den Putenschlachtbetrieben.

Außerdem bedanke ich mich bei Herrn Dr. A. Schroeter und Frau Dr. C. Dorn für die Durchführung der Untersuchungen der *Salmonella*-Isolate am damaligen BgVV, Berlin.

Allen MitarbeiternInnen des Instituts für Fleischhygiene und –technologie danke ich für die Anregungen und freundliche Unterstützung bei der Durchführung der Arbeit.

Besonderer Dank gilt meiner Familie für Ihre Hilfe und Unterstützung sowie meinem Freundeskreis für Ihr Verständnis, Ihre Aufmunterung und Geduld.

Selbständigkeitserklärung

Ich versichere hiermit, dass ich die vorliegende Dissertation

„Varianten in der Brühtechnik bei der Gewinnung von Putenfleisch: mikrobiologische
Gegenüberstellung und molekularbiologische Verlaufsuntersuchung (PFGE)“

selbständig verfasst habe und diese Arbeit nicht für ein früheres Promotionsverfahren eingereicht wurde.

Es sind keine anderen Quellen und Hilfsmittel als die von mir angegebenen benutzt worden.

Berlin, den 12.11.2007

Constance Grabowski