6 Schlußfolgerungen

1. Das Vorkommen thermophiler *Campylobacter* spp. in der Hähnchenmast war saisonalen Schwankungen unterworfen. In den Wintermonaten Dezember bis Februar konnten keine *Campylobacter* spp. isoliert werden. Im März traten erstmals *Campylobacter*-positive Herden auf, während in den Sommermonaten Juni bis August alle untersuchten Herden belastet waren.

2. Eine Untersuchung von Brunnenwasser sowie von Hallenböden nach Reinigung und Desinfektion auf das Vorkommen von thermophilen *Campylobacter* spp. in einem Betrieb verlief negativ. Die Herden waren zu diesem Zeitpunkt positiv, so daß der Keimeintrag vermutlich von außen erfolgte.

3. Bei den positiven Herden waren generell alle 10 Kottupfer aus den vorderen, mittleren und hinteren Stallbereichen mit *Campylobacter* spp. belastet. Damit kann von einer raschen und nahezu alle Tiere einer Herde erfassenden Verbreitung des Keimes ausgegangen werden.

4. Die Untersuchung von ausgewählten Mast-Isolaten mit der Pulsfeld-Gelelektrophorese ergab, daß in nahezu allen Herden spezifische Klone auftraten. Insgesamt wurden pro Herde ein bis drei unterschiedliche Klone detektiert. Dabei dominierten in den meisten Fällen ein bis zwei Klone.

5. Pro Mastperiode konnten eng verwandte Klone parallel in mehreren Herden der jeweiligen Betriebe detektiert und damit eine mögliche Kreuzkontamination zwischen den Herden bzw. ein Eintrag aus gleichen Erregerreservoiren nachgewiesen werden. Darüber hinaus trat ein persistierender Klon in zwei Betrieben während unterschiedlicher Mastperioden auf. Damit zeigte sich, daß bestimmte Klone auch über geographische Distanzen hinweg und über längere Zeiträume genetisch stabil bleiben können.

6. Im Schlachtbetrieb konnte der starke *Campylobacter*-Eintrag sowie die Verbreitung der Keime durch positive Herden mit Isolierungsraten zwischen 91,1% und 100% an den einzelnen Schlachtstationen nachgewiesen werden.

Innerhalb der Schlachtkette konnte an keiner der untersuchten Stationen, wie z.B. Brühen oder Luftkühlung, eine Barriere für thermophile *Campylobacter* spp. erkannt werden. Nach Schlachtung positiver Herden waren alle untersuchten Innereien (100%) sowie 96,7% der Endprodukte mit thermophilen *Campylobacter* spp. kontaminiert und gelangten so in den Handel.

7. Die Transportkistenreinigung und -desinfektion war unzureichend, so daß die Kisten nach Durchlauf durch die Waschanlage mit *Campylobacter* spp. kontaminiert blieben und somit eine Gefahr für den Eintrag in die Mast darstellten.

8. Transportkistenwaschwasser, Betäubungsbad, Brühwasser und Wasser aus der Leber-Magen-Wanne waren teilweise vor Schlachtbeginn und generell nach Durchlauf der positiven Herden mit thermophilen *Campylobacter* spp. kontaminiert. Mit Hilfe der Pulsfeld-Gelelektrophorese konnte das Persistieren vermutlich herdenfremder Klone von anderen Schlachttagen in den Prozeßwässern sowie die Kontamination mit herdenspezifischen Klonen durch positive Herden ermittelt werden.
Die Desinfektion des Transportkistenwaschwassers sowie die Temperaturen des Brühwassers (50-53°C) waren für eine Abtötung des Keimes unzureichend. Darüber hinaus konnten Reinigung und Desinfektion in dem Schlachtbetrieb ein Persistieren der Keime nicht verhindern.

9. Mit Anwendung der Pulsfeld-Gelelektrophorese konnten Klone, die zuvor in der Mast auftraten, auch in der Schlachtung an einzelnen Stationen detektiert werden. Damit gelang sowohl der Nachweis des *Campylobacter*-Eintrages in die Schlachtung durch positive Herden als auch die Verfolgung herdenspezifischer Stämme von der Mast über die Schlachtung bis hin zu den Innereien und Endprodukten, die abgepackt und fertig für den Handel waren.

10. Einige Klone traten sowohl in der Mast als auch in der Schlachtung dominant auf. Diese Stämme waren vermutlich robuster gegenüber äußeren Einflüssen als andere.

11. Während der Schlachtung konnten herdenspezifische Klone der zuerst geschlachteten Herde des jeweiligen Schlachttages auch auf Karkassen der direkt folgenden Herde detektiert werden. Dieses Resultat ließ auf Kreuzkontaminationen innerhalb der Schlachtkette schließen.

12. Im Rahmen der epidemiologischen Fragestellung dieser Arbeit hat sich die Pulsfeld-Gelelektrophorese als Genotypisierungsmethode bewährt. Es konnte sowohl in Mast und Schlachtung die Stammdiversität aufgezeigt werden, als auch eine Verfolgung herdenspezifischer Klone von der Mast über die Schlachtung bis hin zu den Innereien und Endprodukten durchgeführt werden.
Das Differenzierungspotential der verwendeten Restriktionsenzyme *Sma*I und *Kpn*I, war dabei ausreichend. Durch die Verwendung des zweiten Restriktionsenzyms *Kpn*I konnten klonale Verwandtschaftsbeziehungen bestätigt werden.