

Fortsetzung Tab. 19:

Lysindecarboxylase-negativ reagierende psychrotrophe *Enterobacteriaceae*

ODC	PAD	Ara	Gel	VP	MR	Ara	Raf	Mot	PAD	Rha	Cit	DNase	Sorb	Spezies
+	+	+	+	+	+	+	+							<i>Eb. intermedius</i>
						-								<i>Eb. amnigenus</i> Biogr. 2
						+							+	<i>Eb. cloacae</i>
					-								-	<i>Eb. amnigenus</i> Biogr. 1
														<i>Eb. amnigenus</i> Biogr. 2
								+						<i>E. vulneris</i>
											+			<i>B. agrestis</i>
														<i>Y. enterocolitica</i>
								+						<i>Pr. mirabilis</i>
													+	<i>C. davisae</i>
													-	<i>S. marcescens</i> Biogr. 1
	+		+											<i>Pr. vulgaris</i>
														<i>R. aquatilis</i>
						+		+					+	<i>Cb. freundii</i>
														<i>Pa. agglomerans</i>
														<i>S. plymuthica</i>
												+		<i>S. plymuthica</i>
														<i>Kl. pn. ozaenae</i>
														<i>S. marcescens</i> Biogr. 1
												+		<i>S. plymuthica</i>
														<i>Pa. agglomerans</i>
														<i>Eb. amnigenus</i> Biogr. 1

ODC: Ornithindecaboxylase; Mot: Motilität; Gel: Gelatinase; Ara, Sorb, Raf, Rha: Säurebildung aus Arabinose, Sorbit, Raffinose, Rhamnose; Cit: Simmons-Citrat; Ind: Indolbildung; MR: Methylrotreaktion; VP: Voges-Proskauer-Reaktion; PAD: Phenylalanindeaminase; DNase: Desoxyribonuklease-Test

Tab. 20: Psychrotrophe *Enterobacteriaceae* (RIDELL und KORKEALA, 1997) mit phänotypischen Merkmalen (BARROW und FELTHAM, 1993c; FARMER, 1999)

Spezies	Pigm		Gluk		Mot	H ₂ S	Ind	Gel	PAD	MR	Cit	Nit	Ur	VP	DN	Aminosäuren			Säure aus					
	O	F	O	F												ADH	LDC	ODC	Ara	Ino	Lak	Raf	Rha	Sor
<i>B. agrestis</i>	-	+ +G	-	-	+	-	-	-	-	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	-	
<i>C. davisae</i>	-	+ +G	-	-	+	-	-	-	-	+	+	+	-	d	-	-	d	-	-	-	-	-	-	-
<i>Cb. freundii</i>	-	+ +G	-	-	+	d	-	-	-	+	d	+	d	-	-	-	d	-	-	-	-	d	+	+
<i>Pa. agglomerans</i> Gr.	d	+ +d	-	-	+	-	d	-	-	d	d	+	d	d	-	-	-	-	-	-	d	d	+	d
<i>Eb. amnigenus</i>	-	+ +G	-	-	+	-	-	-	-	-	d	+	-	+	-	-	-	-	-	-	d	+	+	-
Biogr. 1	-	+ +G	-	-	+	-	-	-	-	d	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	d	+	+	+
Biogr. 2	-	+ +G	-	-	+	-	-	-	-	d	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	d	+	+	+
<i>Eb. cloacae</i>	-	+ +G	-	-	+	-	-	-	-	-	+	+	d	+	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+
<i>Eb. intermedium</i>	-	+ +G	-	-	+	-	-	-	-	+	d	+	-	+	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+
<i>E. vulneris</i>	d	+ +G	-	-	+	-	-	-	-	+	+	+	-	-	-	-	d	+	-	-	+	+	+	-
<i>H. alvei</i>	-	+ +G	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	-	-	-	-	-	+	-
<i>H. alvei</i> Biogr. 1	-	+ +	-	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	d	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-
<i>Kl. oxytoca</i>	-	+ +G	-	-	-	+	-	-	-	d	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+
<i>Kl. pn. ozaenae</i>	-	+ +d	-	-	-	-	-	-	-	+	d	d	-	-	-	-	d	-	-	-	d	+	d	d
<i>Kl. pn. pneumoniae</i>	-	+ +G	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	+
<i>Pr. mirabilis</i>	-	+ +G	-	-	+	-	+	+	+	+	d	+	+	d	d	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>Pr. vulgaris</i>	-	+ +d	-	-	+	-	+	+	+	+	-	+	+	-	d	-	-	-	-	-	-	-	-	-
<i>R. aquatilis</i>	-	+ +G	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+	-	+	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+
<i>S. fonticola</i>	-	+ +d	-	-	+	-	-	-	-	+	+	+	-	-	-	-	+	+	+	+	+	+	d	+
<i>S. liquefaciens</i> Gr.	-	+ +d	-	-	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+	d	+
<i>S. marcescens</i>	-	+ +G	-	-	+	-	-	-	-	d	+	+	-	+	+	-	+	+	+	+	-	-	-	+
<i>S. marcescens</i> Biogr. 1	-	+ +	-	-	d	-	-	-	-	+	d	d	-	d	d	-	d	-	-	-	-	-	-	+
<i>S. plymuthica</i>	-	+ +d	-	-	d	-	-	-	-	d	d	+	-	d	+	-	-	-	-	-	+	d	+	d
<i>Y. enterocolitica</i>	-	+ +	-	-	+	-	d	-	-	d	-	+	+	d	-	-	+	+	+	+	+	+	-	+

Reaktion der Stämme: +: 85-100% positiv; -: 0-15% positiv; +G: Gasbildung; +d: 16-84% bilden Gas; Gr.: Gruppe; Biogr.: Biogruppe; Pigm: Pigmentbildung; Gluk OF: Oxidations-Fermentationstest; Mot: Motilität; H₂S: H₂S-Bildung; Ind: Indolbildung; Gel: Gelatinease; PAD: Phenylalanin-Decarboxylase; MR: Methylrotreaktion; Cit: Simmons-Citrat; Nit: Nitratreduktion; Ur: Urease; VP: Voges-Proskauer-Test; DN: Desoxyribonuklease-Test; ADH: Arginin-Dehydrogenase; LDC: Lysin-Decarboxylase; ODC: Ornithin-Decarboxylase; Ara, Ino, Lak, Raf, Rha, Sor: Säurebildung aus Arabinose, Inositol, Laktose, Raffinose, Rhamnose, Sorbit

3.2.5 Sequenzanalyse eines partiellen hochvariablen 16S rDNA-Abschnittes der *Acinetobacter*-Isolate

Zur Bestätigung der auf phänotypischem Wege als fraglich eingestuften *Acinetobacter*-Isolate wurde das im Institut für Hygiene und Mikrobiologie der Universität Würzburg in der Arbeitsgruppe Harmsen praktizierte molekularbiologische Verfahren eingesetzt und dort durchgeführt. Dieses Verfahren lief wie folgt ab: Nach Extraktion der DNA erfolgte eine Vervielfältigung eines partiellen hochvariablen 16S rDNA-Abschnittes mit Hilfe der Polymerase-Ketten-Reaktion (PCR). Die Basenfolgen von 457 Basenpaaren (entspricht *E. coli* Position 54-510) der PCR-Produkte wurden mit einem halbautomatischen DNA-Sequenzierer ermittelt. Die Analyse dieser Abschnitte erfolgte mittels Sequenzvergleich anhand einer Datenbank, in der Referenzstämme mit bekannter Sequenz enthalten sind. Diese Datenbank besteht aus klinisch relevanten Vertretern aus der Familie der *Neisseriaceae*. Der DNA-Sequenzvergleich erfolgte unter Zuhilfenahme einer im Institut für Hygiene und Mikrobiologie (Arbeitsgruppe Harmsen) und dem Lehrstuhl für Informatik II (Arbeitsgruppe Albert) speziell entwickelten Software (RIDOM: Ribosomal Differentiation of Medical Microorganisms). Die Nutzung dieses computergestützten Systems ist über das Internet möglich (<http://www.ridom.hygiene.uni-wuerzburg.de/> - zuletzt besucht am 05.09.2000).

3.2.6 Erläuterungen zur statistischen Auswertung

Die Grundlage der Auswertung bildeten die Daten, die für die vier verschiedenen Hackfleischsorten (RG, SF, SG, RS) ermittelt wurden. Von jeder Hackfleischsorte lagen 8 bis 10 Chargen zu Untersuchung vor, wobei jede Charge aus 5 Einzelproben bestand. Nach der Identifizierung der gewonnenen Isolate konnten die verschiedenen Keimgruppen bzw. Bakterienspezies den Einzelproben qualitativ und quantitativ zugeordnet werden. Da eine Betrachtung hauptsächlich auf Ebene der Charge bzw. der Hackfleischsorte stattfand, wurden die Ergebnisse folgendermaßen weiterverarbeitet: konnte die Keimgruppe/Bakterienspezies in mindestens 1 der 5 Einzelproben oberhalb der Nachweisgrenze von 10^3 KbE/g nachgewiesen werden,

so galt diese Charge als positiv. Für die weitere statistische Auswertung erhielten die nicht als positiv nachgewiesenen Einzelproben den Wert der Hälfte der Nachweisgrenze, d.h. 5×10^2 KbE/g bzw. $2,7 \lg$ KbE/g. Um eine Beurteilung der Charge zu ermöglichen, wurde von den Ergebnissen der 5 Einzelproben der \log_{10} ermittelt und von diesem der Mittelwert gebildet (im folgenden "Mittelwert der Logarithmen der Einzelproben" genannt: x_P). Sollte die Hackfleischsorte in der Gesamtheit betrachtet werden, fand der Mittelwert Berücksichtigung, der aus den Mittelwerten der vorliegenden Chargen errechnet wurde (im folgenden "Mittelwert über die Chargen" genannt: x_C). Die Beschreibung des mikrobiologischen Status des "industriell" hergestellten Hackfleisch wurde anhand der Mittelwerte vorgenommen, da sie für diese Untersuchungsart eine übliche und mit Erfahrung verbundene Form darstellt.

Die psychrotrophe Gesamtkeimzahl einer Charge wurde aus der Summe der Keimzahlen der nachgewiesenen Keimgruppen/Bakterienspezies in dieser Charge gebildet. Für die Hackfleischsorte insgesamt wurde der Mittelwert aus diesen logarithmischen Gesamtkeimzahlen über die Chargen ermittelt.

Bei der Darstellung der quantitativen Anteile der Hauptkomponenten der psychrotrophen Hackfleischmikroflora an der psychrotrophen Gesamtkeimzahl in % fand zunächst eine Betrachtung auf der Ebene der Charge statt. Der prozentuale Anteil des Keimgehaltes der darzustellenden Keimgruppe an der psychrotrophen Gesamtkeimzahl wurde ermittelt. Wurde die Hackfleischsorte insgesamt betrachtet, erfolgte die Berechnung des Mittelwertes aus den prozentualen Anteilen der einzelnen Chargen durch Summenbildung der Prozente mit anschließender Division mit der Chargenanzahl.