

4.2.5 Betrachtung der qualitativen und quantitativen Ergebnisse von speziellen Keimgruppen

4.2.5.1 Pseudomonaden-Stämme

Insgesamt wurden aus allen vier Hackfleischsorten 169 Pseudomonaden-Stämme isoliert, welche folgenden Spezies zugeordnet werden konnten: 101 Stämme *Pseudomonas (Ps.) fragi*, 44 Stämme *Ps. fluorescens*, 22 Stämme *Ps. lundensis* und 2 Stämme *Ps. putida*. In den Tab. 34, A-D, sind die qualitativen Nachweise der verschiedenen psychrotrophen Pseudomonaden-Spezies in den vier Hackfleischsorten dargestellt. In allen vier Sorten wurden die Spezies *Ps. fragi*, *Ps. fluorescens* und *Ps. lundensis* nachgewiesen. *Ps. fragi* besaß in allen Hackfleischsorten die größte Nachweishäufigkeit, gefolgt von *Ps. fluorescens* und schließlich *Ps. lundensis*. Die Spezies *Ps. putida* trat jeweils in einer Charge vom Schabefleisch und von Schweinegehacktem auf. In Charge III vom Schabefleisch war sie die einzige nachzuweisende *Pseudomonas*-Spezies. Das Schweinegehackte war die einzige Sorte, in der *Ps. fragi* in allen 8 Chargen vertreten war und außerdem in jeder Charge den größten Anteil an der Gesamt-Pseudomonadenkeimzahl eingenommen hatte. Bei den anderen Sorten wurde in den Chargen der Hauptanteil der Pseudomonadenkeimzahl z.T. von einer anderen Spezies eingenommen.

Tab. 34: Quantitative Anteile der psychrotrophen Pseudomonaden-Spezies an der psychrotrophen Gesamtkeimzahl in % sowie Häufigkeit des Auftretens insgesamt in Chargen*

A: Rindergehacktes

Keimgruppen	Quantitative Anteile in Chargen (Ch) in %								Häufigkeit in Ch n
	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	
<i>Ps. fragi</i>	56,7		59,5	100	85,0	30,4	27,3	90,8	7
<i>Ps. fluorescens</i>	18,8		40,5		8,5	39,2	69,0	9,2	6
<i>Ps. lundensis</i>	24,5	100			6,5	30,4	3,7		5

Fortsetzung Tab. 34:

B: Schabefleisch

Keimgruppen	Quantitative Anteile in Chargen (Ch) in %										Häufigk. in Ch n
	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	X	
<i>Ps. fragi</i>	80,4	100		38,5	84,0	100	100	82,1	80,2	79,1	9
<i>Ps. fluorescens</i>	7,8			61,5	2,5				19,8		4
<i>Ps. lundensis</i>	11,8				13,5			17,9		20,9	4
<i>Ps. putida</i>			100								1

C: Schweinegehacktes

Keimgruppen	Quantitative Anteile in Chargen (Ch) in %								Häufigkeit in Ch n
	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	
<i>Ps. fragi</i>	66,5	100	70,8	95,6	94,5	77,5	85,2	73,7	8
<i>Ps. fluorescens</i>	25,3		27,0	4,4	2,8	22,5	1,5	16,3	7
<i>Ps. lundensis</i>	8,2		2,2				13,3	10,0	4
<i>Ps. putida</i>					2,7				1

D: Gemischtes Hackfleisch

Keimgruppen	Quantitative Anteile in Chargen (Ch) in %									Häufigkeit in Ch n
	I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX	
<i>Ps. fragi</i>	94,2	86,0	47,5	55,1	100	91,5		37,6	29,5	8
<i>Ps. fluorescens</i>	5,8	14,0	2,0			8,5	100	16,1	70,5	7
<i>Ps. lundensis</i>			50,5	44,9				46,3		3

*: nach Maßgabe der eingesetzten Methode (unterer Grenzwert $10^3/g$); pos. C.: positive Chargen;
n: Anzahl der Chargen, in der die Spezies gefunden wurde; %: Häufigkeit der Spezies in der Hack-
fleischsorte

Aus der Tab. 35 ist ersichtlich, daß *Ps. fragi* in allen vier Hackfleischsorten bei der Betrachtung des durchschnittlichen Anteils an der Pseudomonaden-Gesamtkeimzahl

die erste Position einnahm. Bei den Sorten Schabefleisch und Schweinegehacktes wurde die zweite Position von *Ps. fluorescens* eingenommen. Diese beanspruchte *Ps. lundensis* in Rindergehacktem und Gemischtem Hackfleisch.

Tab. 35: Psychrotrophe Pseudomonaden-Spezies: Häufigkeit des Auftretens (H) und durchschnittliche Anteile an der psychrotrophen Pseudomonaden-Gesamtkeimzahl (PsGKZ) in %

	RG (n=8)		SF (n=10)		SG (n=8)		RS (n=9)	
	pos. Ch. H (%)	Anteil an PsGKZ (%)	pos. Ch. H (%)	Anteil an PsGKZ (%)	pos. Ch. H (%)	Anteil an PsGKZ (%)	pos. Ch. H (%)	Anteil an PsGKZ (%)
<i>Ps. fragi</i>	87,5	64,2	90,0	87,7	100	83,0	88,9	67,7
<i>Ps. fluorescens</i>	75,0	30,9	40,0	22,9	87,5	14,3	77,8	31,0
<i>Ps. lundensis</i>	62,5	33,0	40,0	16,0	50,0	8,4	33,3	47,2
<i>Ps. putida</i>	-	-	10,0		12,5		-	-

n: Anzahl der Chargen; pos. Ch. (%):Chargen, in denen die Spezies nachgewiesen wurde; Anteil an PsGKZ(%): durchschnittlicher Anteil an der Pseudomonaden-Gesamtkeimzahl

Die quantitative Verteilung der verschiedenen Pseudomonaden-Spezies ist in Abb. 19 für die vier Hackfleischsorten mit den Mittelwerten der Keimzahlen über die Chargen (x_C) dargestellt. In allen Sorten dominierte *Ps. fragi* mit x_C -Werten von 3,98 bis 4,54 lg KbE/g. Das läßt sich daraus erklären, daß diese Spezies in 62,5% bis 100% der Chargen der verschiedenen Sorten die größten Keimzahlen aufwies. Auf *Ps. fragi* folgten die aus allen Hackfleischsorten isolierten Spezies *Ps. fluorescens* mit Mittelwerten von 3,13 bis 3,64 lg KbE/g und *Ps. lundensis* mit Werten von 3,02 bis 3,49 lg KbE/g. *Ps. putida* war nur im Schabefleisch und in Schweinegehacktem vertreten, x_C 2,87 bzw. 2,71 lg KbE/g.

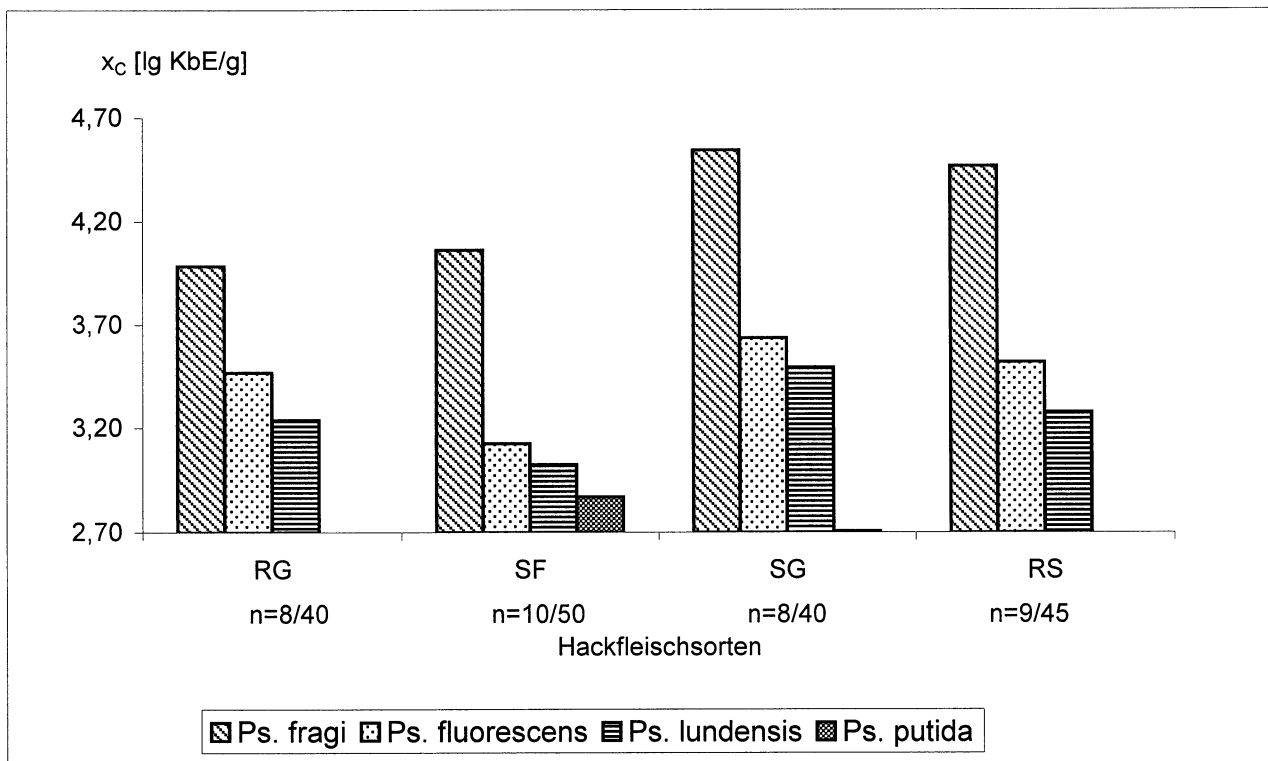


Abb. 19: Quantitative Verteilung der psychrotrophen Pseudomonaden-Spezies in vier Hackfleischsorten; RG: Rindergehacktes, SF: Schabefleisch, SG: Schweinegehacktes, RS: Gemischtes Hackfleisch; (n = Chargenanzahl/Einzelprobenzahl); x_c : Mittelwert über die Chargen

4.2.5.2 *Enterobacteriaceae*-Stämme

In der vorliegenden Untersuchung fand eine Isolierung der am häufigsten auftretenden Bakterien statt. Die insgesamt 23 isolierten Stämme der Familie *Enterobacteriaceae* traten in 14 Chargen auf. Es konnten in 5 der 9 untersuchten Chargen von Gemischtem Hackfleisch (55,6%) *Enterobacteriaceae*-Stämme nachgewiesen werden. Es handelte sich dabei um *Serratia (S.) liquefaciens*, *S. plymuthica* und *Pantoea (Pa.) agglomerans*. Beim Rindergehackten waren 50% der Chargen kontaminiert mit *S. liquefaciens*, *S. plymuthica*, *Pa. agglomerans* oder *Eb. aerogenes*. In 3 der 10 Chargen vom Schabefleisch, d.h. 30%, konnten eine oder zwei der folgenden Spezies nachgewiesen werden: *S. liquefaciens*, *S. plymuthica* oder *Pa. agglomerans*, wobei in 3 Fällen 2 Stämme einer Spezies in einer Charge auftraten. Aus einer der mit *Enterobacteriaceae* belasteten Chargen von Schweinegehacktem wurde *Pa. agglomerans*, aus einer anderen jeweils 2 Stämme von sowohl *S. liquefaciens* als auch *Hafnia alvei* isoliert.

Insgesamt wurden 23 Stämme der Familie *Enterobacteriaceae* bestimmt (Tab. 36). Am häufigsten konnte mit 10 Isolaten *S. liquefaciens* (43,5%) isoliert werden, gefolgt von jeweils 5 Isolaten (21,7%) der Spezies *S. plymuthica* und *Pa. agglomerans*. 2 der 10 isolierten Stämme, d.h. 8,7%, wurden als *Hafnia alvei* und 1 Stamm als *Eb. aerogenes* identifiziert.

Tab. 36: Prozentuale Verteilung der identifizierten *Enterobacteriaceae*-Isolate

Spezies	n von 23
<i>Serratia liquefaciens</i>	10 (43,5%)
<i>Serratia plymuthica</i>	5 (21,7%)
<i>Pantoea agglomerans</i>	5 (21,7%)
<i>Hafnia alvei</i>	2 (8,7%)
<i>Enterobacter aerogenes</i>	1 (4,4%)

(): prozentualer Anteil

Die quantitative Verteilung der aus den vier Hackfleischsorten isolierten psychrotrophen *Enterobacteriaceae*-Spezies ist in Tab. 37 wiedergegeben. *Serratia liquefaciens* und *Pantoea agglomerans* konnten in allen vier Sorten nachgewiesen werden. Die Spezies *Serratia plymuthica* trat in Rindergehacktem, im Schabefleisch und in Gemischtem Hackfleisch auf. Aus Rindergehacktem konnte außerdem *Enterobacter aerogenes* und aus Schweinegehacktem *Hafnia alvei* isoliert werden. Die Keimzahlen der mit *Enterobacteriaceae* belasteten Chargen betragen im Mittel, Mittelwerte der Logarithmen der 5 Einzelproben, bei Rindergehacktem 2,76 bis 3,28 lg KbE/g (4 von 8 Chargen), beim Schabefleisch 4,00 bis 5,00 lg KbE/g (3 von 10 Chargen), bei Schweinegehacktem 3,76 und 3,97 lg KbE/g (2 von 8 Chargen) und bei Gemischtem Hackfleisch 2,79 bis 5,84 lg KbE/g (5 von 9 Chargen). Die Charge IV des Gemischten Hackfleisches war am stärksten mit *Enterobacteriaceae* belastet. In allen 5 Einzelproben wurde *Serratia liquefaciens* nachgewiesen mit einem Mittelwert der Logarithmen der 5 Einzelproben von 5,84 lg KbE/g. Diese Charge ist die einzige aller untersuchten Chargen, die anhand der aeroben mesophilen Keimzahl nach Bewertung der mikrobiologischen Untersuchung von Hackfleisch nach Anlage 2a der Fleischhygiene-Verordnung als "nicht

zufriedenstellend" einzustufen war, da mehr als 2 Proben Keimzahlwerte zwischen dem Richtwert von 6,18 lg KbE/g und dem Grenzwert von 6,7 kg KbE/g aufwiesen.

Tab. 37: Quantitäten der isolierten *Enterobacteriaceae*-Stämme im Hackfleisch* [Mittelwerte der Logarithmen der 5 Einzelproben, log₁₀ KbE/g] (n: Anzahl positiver Einzelproben)

Hackfleischsorte (n=Chargenanzahl)	Chargen-Nr.	<i>Serratia liquefaciens</i>	<i>Serratia plymuthica</i>	<i>Pantoea agglomerans</i>	<i>Enterobacter aerogenes</i>	<i>Hafnia alvei</i>
RG (n=8)	III				2,76 (1)	
	VI		2,96 (1)			
	VII			2,82 (1)		
	VIII	3,28 (2)				
SF (n=10)	V		5,00 (5)			
	VI	4,30 (5)		4,38 (5)		
	IX	4,00 (5)				
SG (n=8)	I			3,76 (5)		
	II	3,84 (5)				3,37 (5)
RS (n=9)	II	2,79 (1)				
	III		3,36 (3)	2,76 (1)		
	IV	5,84 (5)				
	VI	4,64 (5)	4,71 (5)			
	VIII	3,49 (5)				

* : nach Maßgabe der eingesetzten Methode (unterer Grenzwert 10³/g)

RG: Rindergehacktes; SF: Schabefleisch; SG: Schweinegehacktes; RS: Gemischtes Hackfleisch (Rind und Schwein)

4.2.5.3 *Acinetobacter*-Stämme

Aus allen vier Hackfleischsorten ließen sich *Acinetobacter*-Stämme isolieren. Die insgesamt 17 Stämme traten in 11 Chargen auf. Bei Schweinegehacktem wurden sie in 4 der 8 Chargen (50%), bei Rindergehacktem in 3 von 8 Chargen (37,5%), bei Gemischtem Hackfleisch in 2 von 9 Chargen (22,2%) und schließlich im Schabefleisch in 2 von 10 Chargen (20%) nachgewiesen. Die prozentuale Verteilung der identifizierten *Acinetobacter*-Isolate wird im Kapitel 4.3.2 in Tab. 41 im Zusammenhang mit der Auswertung der Ergebnisse der klassischen und molekularbiologischen Methode dargestellt.

Aus Tab. 38 ist die quantitative Verteilung der aus vier Hackfleischsorten isolierten *Acinetobacter*-Spezies zu entnehmen. *Acinetobacter* (*A.*) *lwoffii* konnten in allen vier Sorten nachgewiesen werden. Die Spezies *A. junii* trat im Schabefleisch, in Schweinegehacktem und in Gemischtem Hackfleisch auf. Aus Schweinegehacktem konnten außerdem *A. calcoaceticus* und *A. haemolyticus* sowie aus Gemischtem Hackfleisch *A. johnsonii* isoliert werden. Weder mit klassischer noch mit molekularbiologischer Methode (siehe Kapitel 4.3.2) ließen sich drei Hackfleisch-Stämme identifizieren, die im Schabefleisch, in Schweinegehacktem und in Gemischtem Hackfleisch entdeckt wurden. Die Keimzahlen der belasteten Chargen betragen im Mittel, Mittelwerte aus Logarithmen der 5 Einzelproben, bei Rindergehacktem 2,94 bis 4,09 lg KbE/g (3 von 8 Chargen), beim Schabefleisch 2,88 bis 3,15 lg KbE/g (2 von 10 Chargen), bei Schweinegehacktem 2,88 bis 4,51 lg KbE/g (4 von 8 Chargen) und bei Gemischtem Hackfleisch 2,76 bis 3,90 lg KbE/g (2 von 9 Chargen).

Tab. 38: Quantitäten der isolierten *Acinetobacter*-Stämme im Hackfleisch* [Mittelwerte der Logarithmen der 5 Einzelproben, log₁₀ KbE/g], (n: Anzahl positiver Einzelproben)

Hackfleischsorte (n=Chargenanzahl)	Chargen-Nr.	<i>A. lwoffii</i>	<i>A. junii</i>	<i>A. spp.</i>	<i>A. calcoaceticus</i>	<i>A. johnsonii</i>	<i>A. haemolyticus</i>
RG (n=8)	I	3,91 (5)					
	III	2,94 (4)					
	VII	4,09 (5)					
SF (n=10)	I	3,15 (2)					
	VII	2,88 (2)	3,05 (4)				
SG (n=8)	IV	2,98 (3)			2,88 (1)		
	V	3,17 (3)		3,56 (5)			
	VI	4,04 (5)	3,60 (4)				
	VII	4,51 (5)					
RS (n=9)	V	2,76 (1)				2,87 (1)	
	VIII	3,90 (5)		3,88 (5)			

* : nach Maßgabe der eingesetzten Methode (unterer Grenzwert 10³/g)

RG: Rindergehacktes; SF: Schabefleisch; SG: Schweinegehacktes; RS: Gemischtes Hackfleisch (Rind und Schwein)

4.3 Vorkommen von *Acinetobacter*-Stämmen in vier Hackfleischsorten nach phäno- und genotypischer Identifizierung

4.3.1 Speziesidentifizierung der *Acinetobacter*-Isolate auf genotypischem Wege durch Sequenzanalyse eines partiellen 16S rDNA-Abschnittes mit Hilfe eines speziellen Computerprogramms

Nach Bestimmung der Sequenzen der partiellen 16S rDNA-Abschnitte der *Acinetobacter*-Isolate erfolgte die Analyse durch DNA-Sequenzvergleich mit Hilfe der im Institut für Hygiene und Mikrobiologie der Universität Würzburg (in Zusammenarbeit mit dem Lehrstuhl für Informatik II der Universität Würzburg) speziell entwickelten Software RIDOM (Ribosomal Differentiation of Medical Microorganisms). In Tab. 39 sind den 13 untersuchten *Acinetobacter*-Isolaten die klinischen Stämme gegenübergestellt, die nach dem Vergleich der Sequenzen mit RIDOM die größten Ähnlichkeiten aufwiesen. Die Ähnlichkeitsgrade lagen in der Größenordnung von 94,01% bis 99,88%. Nach Vorliegen dieser Ergebnisse wurden 5 Isolate als *Acinetobacter (A.) lwoffii*, 3 Isolate als *A. junii*, 2 bzw. 1 Isolat als *A. haemolyticus*, jeweils 1 Isolat als *A. radioresistens*, *A. calcoaceticus* und *A. johnsonii* sowie kein bzw. 1 Isolat als *A. baumannii* identifiziert.

Tab. 39: Ähnlichkeitsgrad zwischen den *Acinetobacter*-Isolaten aus Hackfleisch und den Referenzstämmen in der Computerdatenbank (Ergebnisse nach RIDOM)

Stamm-Nr.	Speziesident. nach RIDOM	Referenzstämmen aus Datenbank (Ursprung)	Ähnlichkeitsgrad
RG 8	<i>A. lwoffii</i>	LMG 1300 (klin. Material)	96,11%
RG 23	<i>A. lwoffii</i>	LMG 1138 (Mensch, Urin)	96,26%
RG 81	<i>A. lwoffii</i>	LMG 1300 (klin. Material)	96,16%
SF 14	<i>A. junii</i>	DSM 6964 (Mensch, Urin)	96,23%
SF 67	<i>A. radioresistens</i>	LMG 10614 (Mensch, Wunde)	94,01%
SG 48	<i>A. calcoaceticus</i>	DSM 30006 (Boden)	96,37%
SG 58	<i>A. junii</i>	DSM 6964 (Mensch, Urin)	96,54%
SG 60	<i>A. haemolyticus</i>	DSM 6962 (Mensch, Speichel)	97,05%
SG 79	<i>A. lwoffii</i>	LMG 1138 (Mensch, Urin)	98,11%
SG 81	<i>A. haemolyticus</i> , <i>A. baumannii</i>	DSM 6962 (Mensch, Speichel) LMG 994 (Mensch, Urin)	97,07% 97,07%
SG 88	<i>A. lwoffii</i>	LMG 1300 (klin. Material)	96,30%
RS 58	<i>A. johnsonii</i>	LMG 10584 (Mensch, Urin)	99,88%
RS 86	<i>A. junii</i>	DSM 6964 (Mensch, Urin)	97,34%

RG: Rindergehacktes, SF: Schabefleisch, SG: Schweinegehacktes, RS: Gemischtes Hackfleisch; LMG: Laboratorium voor Microbiologie, Gent, Belgien; DSM: Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Braunschweig, Bundesrepublik Deutschland

In dem phylogenetischen Baum (Abb. 20) ist die Clusterbildung von 14 *Acinetobacter*-Kultursammlungsstämmen und 10 Hackfleischisolaten dargestellt. Die Isolate aus dem Hackfleisch wiesen zumeist einen größeren Verwandtschaftsgrad zueinander auf als zu den Kultursammlungsstämmen. So lagen die drei Hackfleischisolate RG 8, RG 81 und SG 88 sowie die zwei Isolate SG 60 und SG 81 verwandtschaftlich sehr eng zusammen. Auch die Stämme SG 48 und SG 58 wiesen auf genetischer Ebene größere Ähnlichkeit zueinander auf als zu den klinischen Stämmen.

4.3.2 Vergleich der Ergebnisse nach klassischer und molekularbiologischer Methode

Beim Vergleich der eigenen Untersuchungsergebnisse nach klassischer Methode mit denen der molekularbiologischen Methode (Tab. 40) waren Übereinstimmungen in drei Fällen vorhanden. In 7 Fällen war die Identifizierung auf phänotypischer Ebene nicht eindeutig möglich, und in drei Fällen lagen keine übereinstimmenden Ergebnisse vor. Der Stamm RG 23 wurde nach klassischer Methode aufgrund seiner Fähigkeit, Citrat zu verwerten, als *A. junii* oder Genospezies 11 eingeordnet. Wäre die Simmons-Citrat-Reaktion negativ ausgefallen, so wäre nach phänotypischen Kriterien auch eine Identifizierung als *A. Iwoffii* oder *A. radioresistens* erfolgt. Dem Ergebnis der Sequenzanalyse nach handelt es sich bei dem Stamm RG 23 um *A. Iwoffii*. Auch beim Stamm SF 67 ergab der Vergleich der phänotypischen mit der molekularbiologischen Methode keine Übereinstimmung. Da der Stamm Citrat verwertete und nicht in Lage war, bei 37°C zu wachsen, wurde er phänotypisch als *A. johnsonii* identifiziert. Die Sequenzanalyse des partiellen 16S rDNA-Abschnittes ergab einen Ähnlichkeitsgrad zu einem klinischen *Acinetobacter*-Stamm von 94,01%. Es handelt sich dabei um den *A. radioresistens*-Stamm LMG 10614. Die letzte fehlende Übereinstimmung im Ergebnisvergleich lag bei dem Stamm SG 81 vor. Dieser war nicht in der Lage, bei 41°C zu wachsen, eine Hämolyse auf Blutagar hervorzurufen oder Gelatine zu verflüssigen. Die als *A. junii* oder Genospezies 11 erfolgte Identifizierung nach klassischer Methode konnte molekularbiologisch nicht bestätigt werden.

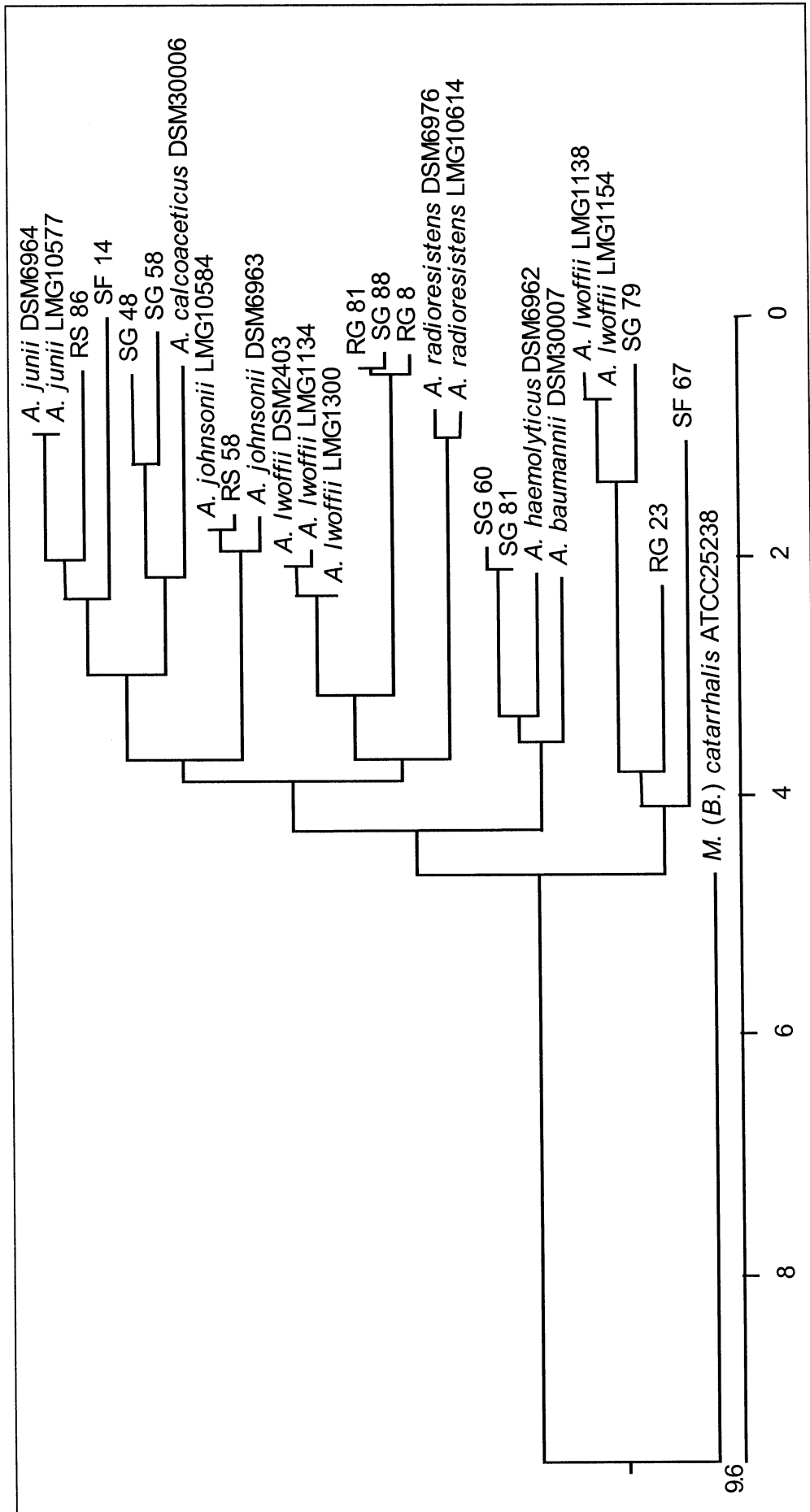


Abb. 20: Clusterbildung von 14 *Acinetobacter*-Kultursammlungsstämmen und 10 Hackfleischisolaten. Der phylogenetische Baum hat seine Basis bei dem nahe verwandten *Moraxella (Branhamella) catarrhalis* Stamm und basiert auf der Verwandtschaftsanalyse von 457 Basenpaaren DNA Sequenzen des 16S rDNA Gens (erstellt von HARMSEN, 2000)

Tab. 40: Speziesidentifizierung der *Acinetobacter*-Isolate aus vier verschiedenen Hackfleischsorten nach eigenen Untersuchungen und nach Sequenzanalyse mit RIDOM

Isolat	Eigene Unters.	RIDOM	Vergl.
RG 8	<i>A. spp.</i> (8/9, 12)	<i>A. lwoffii</i> (8/9)	◇
RG 23	<i>A. spp.</i> (5, 11)	<i>A. lwoffii</i> (8/9)	–
RG 81	<i>A. spp.</i> (5, 8/9, 12)	<i>A. lwoffii</i> (8/9)	◇
SF 14	<i>A. spp.</i> (5, 8/9, 12)	<i>A. junii</i> (5)	◇
SF 67	<i>A. johnsonii</i> (7)	<i>A. radioresistens</i> (12)	–
SF 72	<i>A. lwoffii</i> (8/9)	kein Ergebnis	•
SG 48	<i>A. calcoaceticus</i> (1)	<i>A. calcoaceticus</i> (1)	+
SG 51	<i>A. lwoffii</i> (8/9)	kein Ergebnis	•
SG 58	<i>A. spp.</i> (5, 11)	<i>A. junii</i> (5)	◇
SG 60	<i>A. haemolyticus</i> (4)	<i>A. haemolyticus</i> (4)	+
SG 79	<i>A. spp.</i> (8/9, 12)	<i>A. lwoffii</i> (8/9)	◇
SG 81	<i>A. spp.</i> (11)	<i>A. haemolyticus</i> (4) / <i>baumannii</i> (2)	–
SG 88	<i>A. spp.</i> (8/9, 12)	<i>A. lwoffii</i> (8/9)	◇
RS 58	<i>A. johnsonii</i> (7)	<i>A. johnsonii</i> (7)	+
RS 59	<i>A. lwoffii</i> (8/9)	kein Ergebnis	•
RS 86	<i>A. spp.</i> (5, 8/9, 12)	<i>A. junii</i> (5)	◇
RS 87	<i>A. spp.</i> (8/9, 12)	kein Ergebnis	•

Vergl.: Vergleich zwischen der phänotypischen, klassischen und der molekularbiologischen Speziesidentifizierung; + : übereinstimmend; ◇ : keine eindeutige Identifizierung auf phänotypischer Ebene; – : nicht übereinstimmend; • : Sequenzierung nicht möglich gewesen; () : Genospezies (Nummern nach BOUVET und GRIMONT, 1986; BOUVET und JEANJEAN, 1989; TJERNBERG und URSING, 1989)

Die prozentuale Verteilung der identifizierten *Acinetobacter*-Isolate nach Auswertung der Ergebnisse der klassischen und molekularbiologischen Methode ist in Tab. 41 dargestellt. Von den 17 Isolaten konnten 8 (47,1%) als *A. lwoffii*, 3 als *A. junii* und jeweils 1 Isolat als *A. calcoaceticus*, *A. johnsonii* und *A. haemolyticus* identifiziert werden. 3 (17,6%) der *Acinetobacter*-Isolate konnten nicht oder nicht eindeutig einer Spezies zugeordnet werden. Entweder ermöglichten die phänotypischen Tests keine eindeutige Identifizierung bzw. die Ergebnisse mit RIDOM lagen nicht vor oder die Ergebnisse der molekularbiologischen Methode stimmten nicht mit denen der phänotypischen Methode überein.

Tab. 41: Prozentuale Verteilung der identifizierten *Acinetobacter*-Isolate

Spezies	n von 17
<i>A. Iwoffii</i>	8 (47,1%)
<i>A. junii</i>	3 (17,6%)
<i>A. spp.</i>	3 (17,6%)
<i>A. calcoaceticus</i>	1 (5,9%)
<i>A. johnsonii</i>	1 (5,9%)
<i>A. haemolyticus</i>	1 (5,9%)

(): prozentualer Anteil