

4 Ergebnisse

4.1 Vorkommen von thermophilen *Campylobacter* spp. bei Hähnchenherden in der Mast und Schlachtung

Aus Mast (n=510 Proben) und Schlachtung (n=1101 Proben) wurden insgesamt n=1611 Proben entnommen und auf das Vorkommen von thermophilen *Campylobacter* spp. untersucht.

Die Anzahl aller isolierten *Campylobacter*-Stämme belief sich auf n=719 (44,6%), von denen 639 bei – 80°C in einer Stammsammlung gelagert wurden. 67,9% der Isolate (488 Stämme) gehörten der Spezies *C. jejuni*, 32,1% (231 Stämme) der Spezies *C. coli* an.

In 795 Proben waren *Campylobacter* spp. nicht nachweisbar. 97 Proben konnten aufgrund einer starken Begleitkeimflora nicht ausgewertet werden.

4.1.1 Untersuchungen zum Vorkommen von thermophilen *Campylobacter* spp. in den Hähnchenbeständen der Mastbetriebe A, B und C

Bei *Campylobacter*-Befall einer Herde waren generell alle 10 Kottupfer positiv. Aus jeder dieser Tupferproben wurde jeweils ein Isolat gewonnen.

Von den insgesamt 51 untersuchten Herden waren n=23 (45,1%) positiv, so daß n=230 (45,1%) thermophile *Campylobacter*-Stämme aus 510 Proben gewonnen werden konnten, deren Spezies bestimmt wurde und von denen 171 bei –80°C gelagert wurden.

Die Prävalenz von *Campylobacter* spp. in den Kottupferproben aus Hähnchenherden der Betriebe A, B und C über den Zeitraum Dezember 2001 bis August 2002 ist in der Anhangstab. 4 dargestellt.

Saisonale *Campylobacter*-Prävalenz in allen beprobten Hähnchenherden

Im Dezember, Januar, Februar und April waren jeweils alle untersuchten Herden *Campylobacter*-negativ.

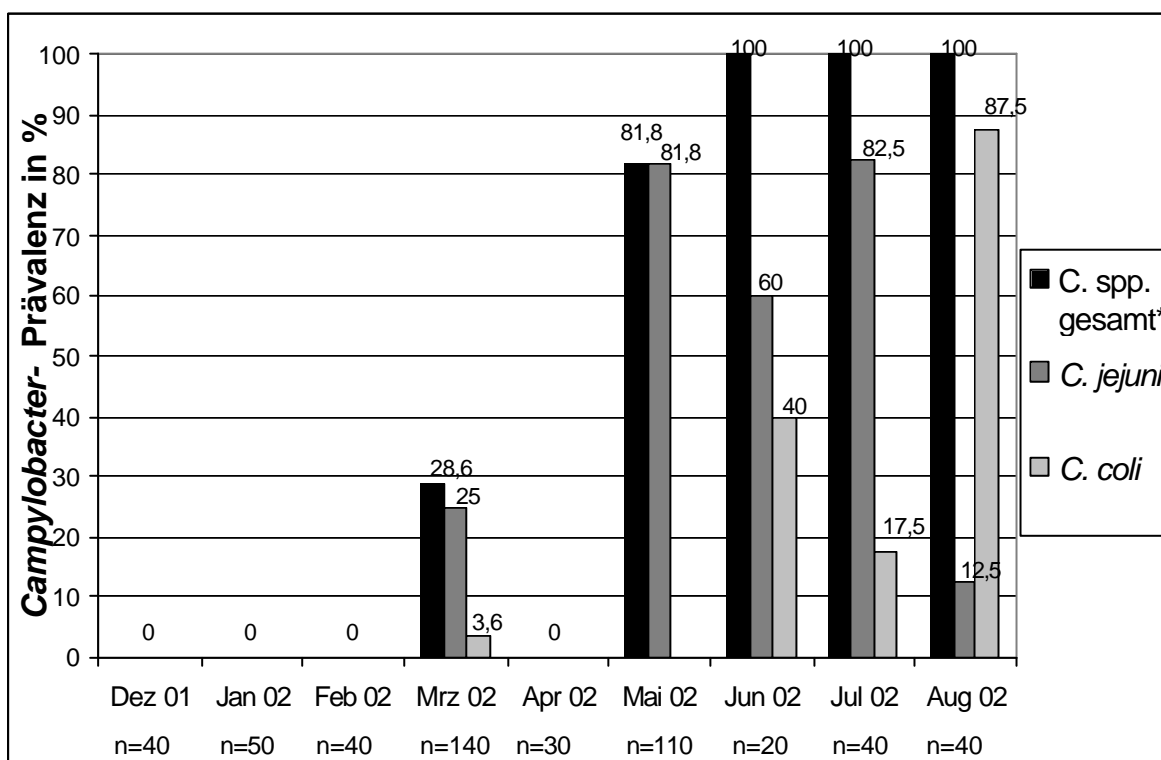
Anfang März waren noch alle 6 beprobten Herden ohne nachweisliche *Campylobacter*-Belastung, während Ende März erstmals das Auftreten von thermophilen *Campylobacter* spp. registriert werden konnte. Insgesamt traten in diesem Monat 4 von 14 beprobten Herden (28,6%) als *Campylobacter*-positiv in Erscheinung. Im Mai waren 9 von 11 untersuchten Herden (81,8%) mit

thermophilen *Campylobacter* spp. belastet. In den Sommermonaten Juni, Juli und August konnten dann aus allen beprobten Herden (100%) thermophile *Campylobacter* spp. isoliert werden (Tab. 24; Abb. 7).

Tab. 24: Prävalenz von *Campylobacter*-positiven Herden in den Mastbetrieben A, B, C im Zeitraum Dezember 2001 bis August 2002

	<i>Campylobacter</i> -Status (Anzahl positiv/Anzahl beprobte Herden)									
	Dez	Jan	Feb	Mrz	Apr	Mai	Juni	Juli	Aug	
Mastbetrieb A	k.P.	0/5	k.P.	2/4	0/3	6/7	2/2	k.P.	k.P.	
Mastbetrieb B	0/4	k.P.	0/4	2/4	k.P.	3/4	k.P.	4/4	4/4	
Mastbetrieb C	k.P.	k.P.	k.P.	0/6	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	
Summe	0/4	0/5	0/4	4/14	0/3	9/11	2/2	4/4	4/4	
Anz. positiv/ Anz. Herden (%)	(0)	(0)	(0)	(28,6)	(0)	(81,8)	(100)	(100)	(100)	

k.P.= keine Probenahme



*= alle isolierten thermophilen *Campylobacter* spp./Monat

Abb. 7: Monatliche *Campylobacter*-Isolierungsraten und Speziesverteilung aus allen Kottupferproben (n=510) von Hähnchenherden der Mastbetriebe A, B und C

4.1.1.1 Speziesverteilung innerhalb aller gewonnenen Mast-Isolate

Die Speziesverteilung innerhalb aller gewonnenen 230 *Campylobacter*-Isolate aus positiven Herden in der Mast setzte sich folgendermaßen zusammen:

Insgesamt konnte mit n=175 Stämmen (76,1%) *C. jejuni* als dominierende Spezies identifiziert werden. 8 *C. jejuni*-Stämme (4,6%) wiesen eine Nalidixinsäure-Resistenz auf. 55 Isolate (23,9%) konnten in der Speziesdifferenzierung *C. coli* zugeordnet werden. Davon waren 14 Stämme (25,5%) Nalidixinsäure-resistent. Innerhalb aller 23 *Campylobacter*-positiven Herden wurden bei 13 Herden (56,5%) ausschließlich *C. jejuni*-Stämme, bei 8 Herden (34,8%) sowohl *C. jejuni*- als auch *C. coli*-Stämme sowie bei 2 Herden (8,7%) ausschließlich *C. coli*-Stämme isoliert.

4.1.1.2 *Campylobacter*-Prävalenz im Hähnchenmastbetrieb A

In diesem Mastbetrieb wurden insgesamt von 21 Herden n=210 Kottupfer in 5 Mastperioden (Januar bis Juni 2002) entnommen und auf das Vorkommen von thermophilen *Campylobacter* spp. untersucht.

In den Monaten Januar (Nr. 2, 4, 6, 7, 9) und April (Nr.1, 2, 3) erfolgte bei den untersuchten Herden kein *Campylobacter*-Nachweis. Das Auftreten von *Campylobacter*-positiven Herden konnte erstmals im März beobachtet werden. Von 4 untersuchten Herden (Nr. 11, 12, 14, 15) waren 2 Herden (50%) mit thermophilen *Campylobacter* spp. belastet. In der Untersuchung vom Mai konnten 6 (85,7%) von 7 beprobten Herden (Nr. 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15) als *Campylobacter*-positiv identifiziert werden. Die Isolate einer Herde (Nr. 9) konnten aufgrund starker Begleitkeimflora nicht ausgewertet werden. Im Juni waren dann alle beprobten Herden (100%) mit thermophilen *Campylobacter* spp. belastet (Abb. 8).

Insgesamt konnte bei 10 Herden (47,6%) eine Belastung mit thermophilen *Campylobacter* spp. festgestellt werden, während 10 Herden (47,6%) *Campylobacter*-negativ waren. N=100 thermophile *Campylobacter* spp. wurden isoliert und speziesdifferenziert.

In der Tab. 25 und Abb. 8 sind die *Campylobacter*-Prävalenz bzw. das saisonale Auftreten von *Campylobacter*-positiven Herden im Mastbetrieb A dargestellt. Die monatlichen *Campylobacter*-Isolierungsraten sowie Speziesverteilung aus allen Kottupferproben zeigt die Abb. 9.

Tab. 25: Prävalenz von thermophilen *Campylobacter* spp. im Hähnchenmastbetrieb A

Herde	Zeitraum Probenahme	Anzahl positiv/ Anzahl Proben (%)	<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>
11 (S)	März 02	10/10 (100)	10 (6*)	0
15 (S)	März 02	10/10 (100)	10 (2*)	0
9	Mai 02	n.a.	n.a.	n.a.
10	Mai 02	10/10 (100)	10	0
11	Mai 02	10/10 (100)	10	0
12 (S)	Mai 02	10/10 (100)	10	0
13 (S)	Mai 02	10/10 (100)	10	0
14	Mai 02	10/10 (100)	10	0
15	Mai 02	10/10 (100)	10	0
5 (S)	Juni 02	10/10 (100)	2	8*
8 (S)	Juni 02	10/10 (100)	10	0
Summe			92 (8*)	8*

C.= *Campylobacter*; (S)= weitere Beprobung dieser Herde in der Schlachtung;

*= Nalidixinsäure-resistente Stämme; n.a.= nicht auswertbar

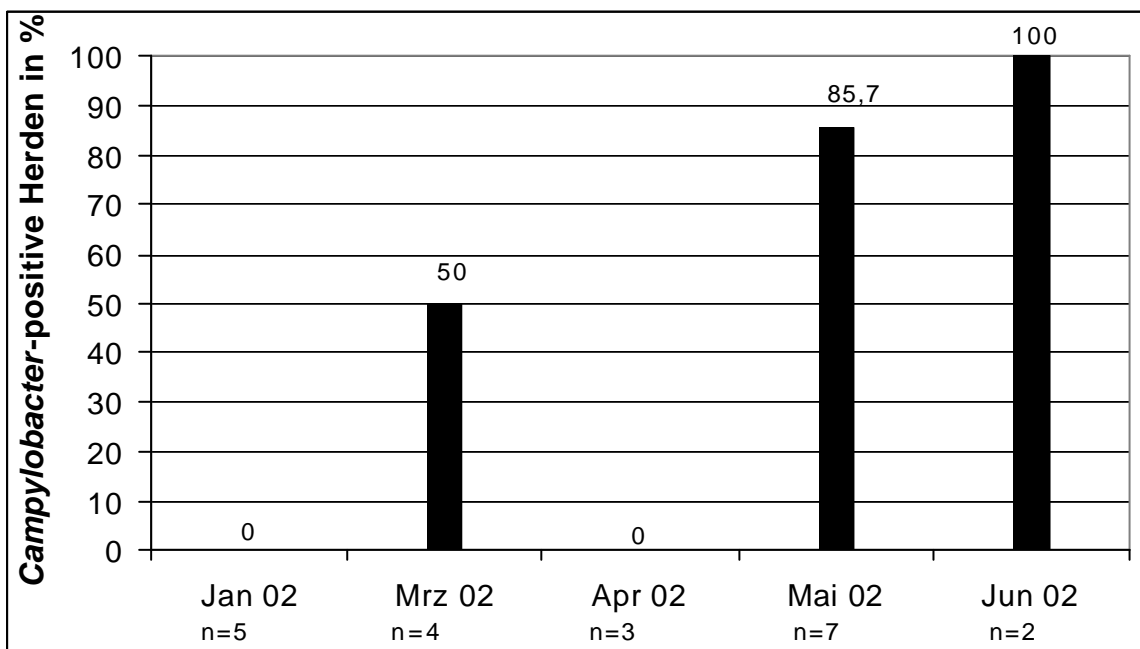
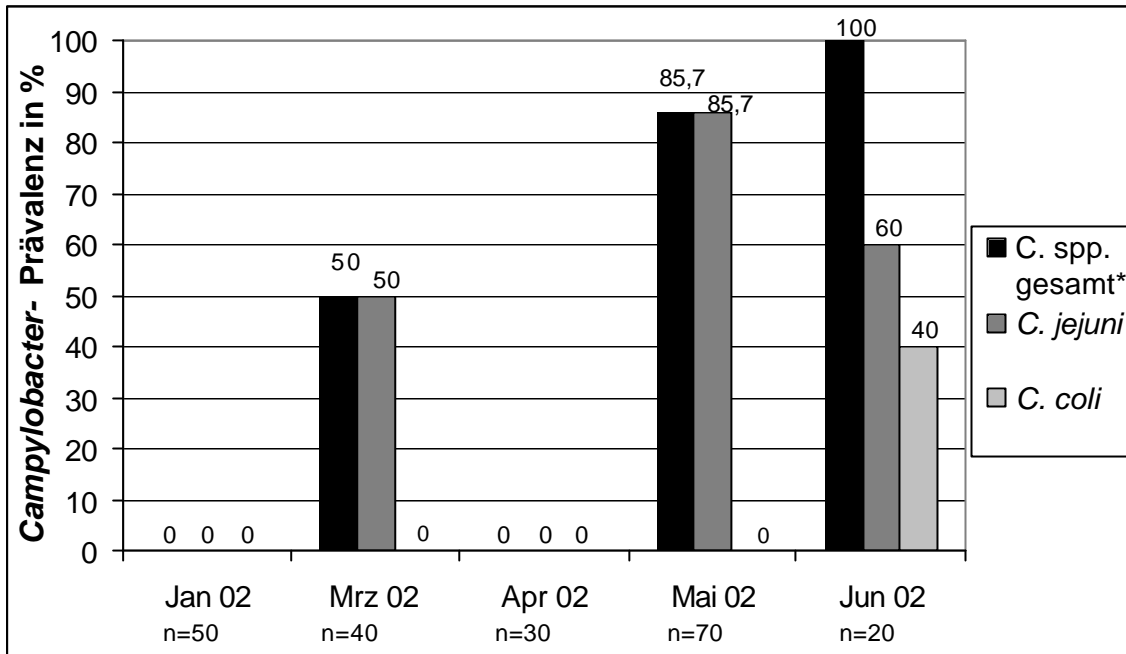


Abb. 8: Saisonales Auftreten von *Campylobacter*-positiven Hähnchenherden (n=21) des Mastbetriebes A



*= alle isolierten thermophilen *Campylobacter* spp./Monat

Abb. 9: Monatliche *Campylobacter*-Isolierungsraten und Speziesverteilung aus allen Kottupferproben (n=210) von Hähnchenherden des Mastbetriebes A

Speziesverteilung bei Isolaten aus dem Mastbetrieb A

Die Speziesverteilung innerhalb aller 100 gewonnenen Isolate lag bei insgesamt 92 *C. jejuni*- (92%) und bei 8 *C. coli*-Stämmen (8%).

Von den *C. jejuni*-Isolaten waren 8 Stämme (8,7%) Nalidixinsäure-resistent. Betroffen waren 6 Isolate der Herde 11 sowie 2 Isolate der Herde 15, welche alle aus der Untersuchung vom März stammten. Alle 8 *C. coli*-Isolate (8%) stammten von der Herde 5 aus der Untersuchung im Juni und wiesen durchweg eine Nalidixinsäure-Resistenz auf.

Innerhalb aller 10 *Campylobacter*-positiven Herden wurden bei 9 Herden (90%) ausschließlich *C. jejuni* isoliert. Bei einer Herde (10%) lag eine Gemischtkontamination aus *C. jejuni* und *C. coli* vor.

Ergebnisse Brunnenwasser/Stallboden nach Reinigung und Desinfektion

In der Untersuchung des Brunnenwassers, mit dem die Masthähnchen getränkt wurden, konnten keine thermophilen *Campylobacter* spp. nachgewiesen werden. Die Ergebnisse der insgesamt n=350 Tupferproben vom Stallboden in 5 Hallen (nach Reinigung und Desinfektion) fielen ebenfalls negativ aus.

4.1.1.3 *Campylobacter*-Prävalenz im Hähnchenmastbetrieb B

Alle 4 Herden (Nr. 1, 2, 3, 4) dieses Betriebes wurden in 6 direkt aufeinanderfolgenden Mastperioden (n=24) im Zeitraum von Dezember 2001 bis August 2002 auf das Vorkommen von thermophilen *Campylobacter* spp. untersucht.

Im Dezember und Februar waren jeweils alle 4 untersuchten Herden *Campylobacter*-negativ. Die ersten positiven Herden traten im März in Erscheinung. Von 4 Herden waren 2 (50%) mit thermophilen *Campylobacter* spp. belastet. Im Mai waren dann 3 (75%) von 4 beprobten Herden *Campylobacter*-positiv. In den Sommermonaten Juli und August waren jeweils alle untersuchten Herden (100%) mit *Campylobacter* spp. belastet.

Insgesamt waren 13 Herden (54,2%) *Campylobacter*-positiv und 11 Herden (45,8%) ohne nachweisliche *Campylobacter*-Belastung. Aus allen n=240 entnommenen Kottupfern konnten n=130 thermophile *Campylobacter*-Stämme isoliert und speziesdifferenziert werden.

In der Tab. 26 ist die *Campylobacter*-Prävalenz im Betrieb B dargestellt. Das saisonale Auftreten von positiven Herden sowie die monatlichen Isolierungsraten und Speziesverteilung aus allen Kottupferproben im Mastbetrieb B zeigen die Abb. 10 und 11.

Tab. 26: Prävalenz von thermophilen *Campylobacter* spp. im Hähnchenmastbetrieb B

Herde	Zeitraum Probenahme	Anzahl positiv/ Anzahl Proben (%)	<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>
1 (S)	März 02	10/10 (100)	8	2
4 (S)	März 02	10/10 (100)	7	3
1	Mai 02	10/10 (100)	10	0
2 (S)	Mai 02	10/10 (100)	10	0
3 (S)	Mai 02	10/10 (100)	10	0
1	Juli 02	10/10 (100)	5	5*
2	Juli 02	10/10 (100)	10	0
3 (S)	Juli 02	10/10 (100)	9	1
4 (S)	Juli 02	10/10 (100)	9	1*
1 (S)	August 02	10/10 (100)	3	7
2	August 02	10/10 (100)	0	10
3	August 02	10/10 (100)	2	8
4 (S)	August 02	10/10 (100)	0	10
Summe			83	47 (6*)

C.= *Campylobacter*; (S)= weitere Beprobung dieser Herde in der Schlachtung;

*= Nalidixinsäure-resistente Stämme

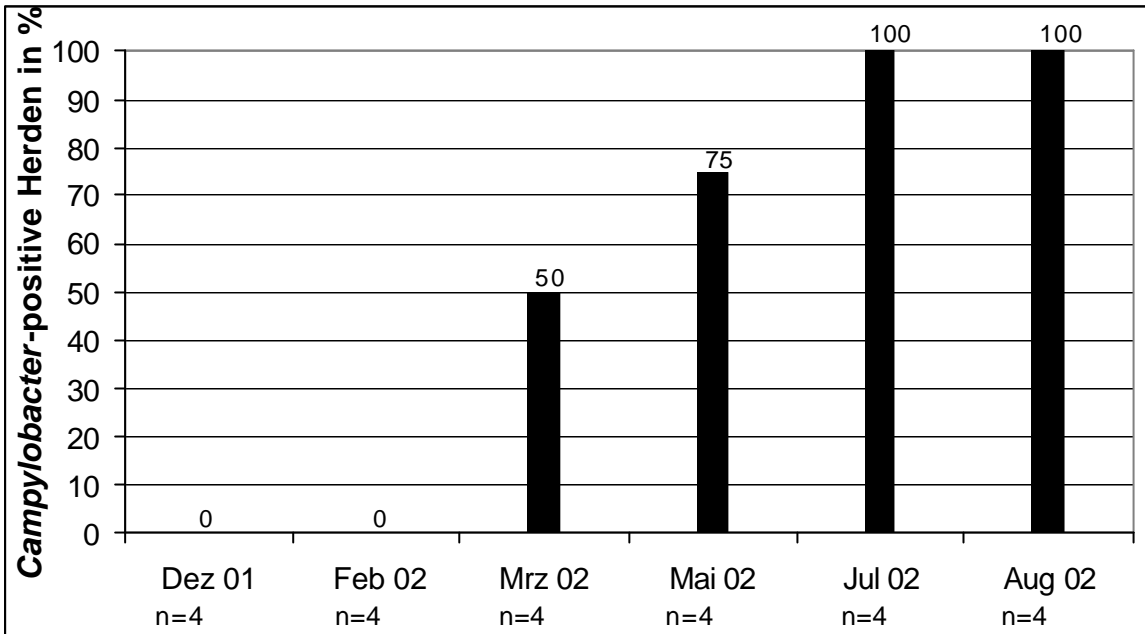
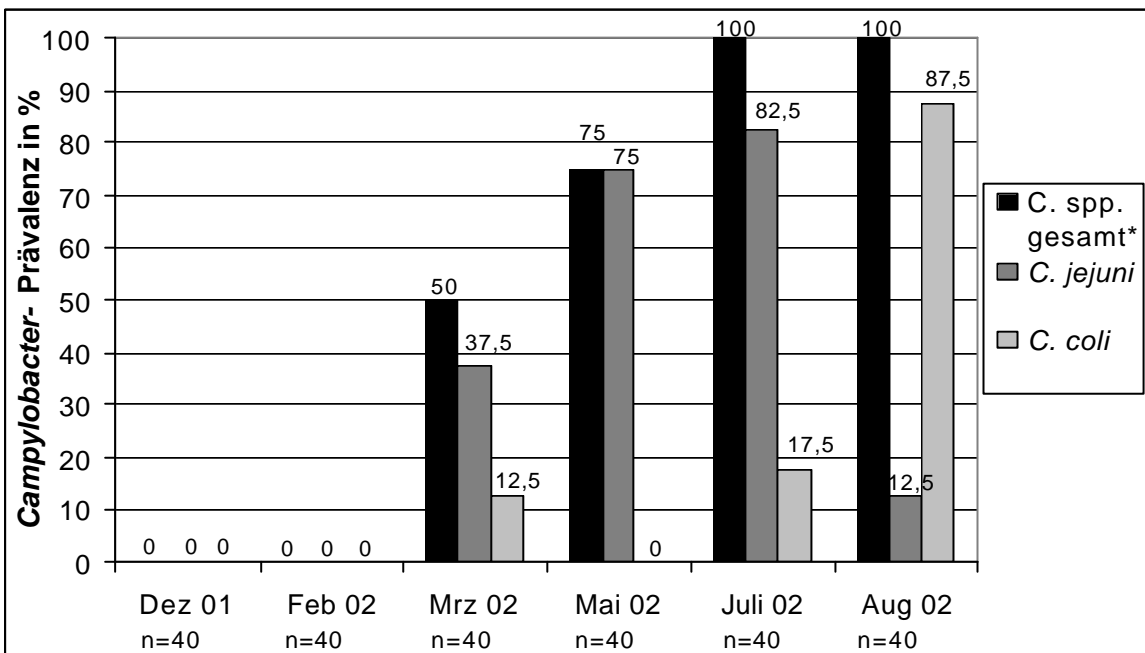


Abb. 10: Saisonales Auftreten von *Campylobacter*-positiven Hähnchenherden (n=24) des Mastbetriebes B



*= alle isolierten thermophilen *Campylobacter* spp.

Abb. 11: Monatliche *Campylobacter*-Isolierungsraten und Speziesverteilung aus allen Kottupferproben (n=240) von Hähnchenherden des Mastbetriebes B

Speziesverteilung bei Isolaten aus dem Mastbetrieb B

Die Speziesverteilung innerhalb aller 130 gewonnenen Isolate des Mastbetriebes B lag bei 83 *C. jejuni*-Stämmen (63,8%) und 47 *C. coli*-Stämmen

(36,2%). Keiner der isolierten *C. jejuni*-Stämme wies eine Nalidixinsäure-Resistenz auf. 6 *C. coli*-Stämme (12,8%) waren dagegen Nalidixinsäure-resistent (4,6%). Sie stammten alle von den Herden 1 und 4 aus der Untersuchung im Juli.

Von allen 13 positiven Herden wurden bei 4 Herden (30,8%) ausschließlich *C. jejuni* isoliert. Bei 7 Herden (53,8%) lag eine Gemischtfektion aus *C. jejuni* und *C. coli* vor. Aus 2 Herden (15,4%) wurde nur *C. coli* isoliert.

4.1.1.4 *Campylobacter*-Prävalenz im Hähnchenmastbetrieb C

In diesem Mastbetrieb erfolgte eine Untersuchung von 6 Herden (Nr. 1, 2, 3, 4, 5, 6) auf das Vorkommen von thermophilen *Campylobacter* spp. Die Probenahme wurde nur im März 2002 durchgeführt. Alle n=60 entnommenen Kot-tupfer fielen *Campylobacter*-negativ aus.

4.1.2 Untersuchungen zum Vorkommen von thermophilen *Campylobacter* spp. in einem Geflügelschlacht und –zerlegungsbetrieb

Von 22 Herden (14 positive und 8 negative Herden) aus den Mastbetrieben A, B und C wurden im Zeitraum Dezember 2001 bis August 2002 insgesamt n=1101 Proben vor, während und nach der Schlachtung entnommen und auf das Vorkommen von thermophilen *Campylobacter* spp. untersucht.

Insgesamt waren n=489 Proben (44,4%) positiv. Aus jeder positiven Probe wurde ein Isolat gewonnen. Von den 489 gewonnenen Stämmen wurden 468 Isolate bei –80°C in einer Stammsammlung gelagert. N=525 Proben (47,7%) fielen *Campylobacter*-negativ aus. 87 Proben der positiven Herden 12 und 13 (Mai) des Mastbetriebes A waren aufgrund starker Begleitkeimflora nicht auswertbar. Bei den restlichen 12 positiven Herden konnten jeweils an allen Stationen während und nach Schlachtung bis hin zu den Endprodukten thermophile *Campylobacter* spp. isoliert werden (Tab. 27). In den Sommermonaten Juli und August waren sämtliche Proben (100%), die während und nach der Schlachtung entnommenen worden waren, mit *Campylobacter* spp. kontaminiert.

Alle 8 *Campylobacter*-negativen Herden (n=471 Proben) blieben auch während des Schlachtdurchlaufes bis hin zum Endprodukt ohne eine nachweisliche *Campylobacter*-Belastung.

Tab. 27: Campylobacter-Prävalenz an Stationen vor, während und nach der Schlachtung positiver Herden

Campylobacter-Status (Anzahl positiv/Anzahl Proben (n))														Σ (%)
Monat	Mrz 02		Apr 02		Mai 02		Jun 02		Juli 02		Aug 02			
Mastbetrieb A, B	B		A		B		A		B		B			
Herde (2 Herden/Schlachttag)	4	1	15	11	3	2	5	8	4	3	1	4		
vor Schlachtung	Transportkisten vor R/D (Tupfer)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	89/90 (98,9)	
	Transportkisten nach R/D (Tupfer)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	82/90 (91,1)	
	Transportkisten-waschwasser (100 ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	+	k.P.	+	k.P.	+	k.P.	+	4/4 (100)	
	Betäubungsbad (100 ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	+	k.P.	-	k.P.	-	k.P.	-	k.P.	1/4 (25)
	Brühwasser (100 ml)	+	k.P.	+	k.P.	+	k.P.	-	k.P.	-	k.P.	-	k.P.	3/6 (50)
	Wasser aus Leber-Magen-Wanne (100 ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	+	k.P.	+	k.P.	-	k.P.	-	k.P.	2/4 (50)
	Tupferabstrich v. Tierkörper nach Brühen	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	82/90 (91,1)
Schlachtung	Blinddärme	+	+	+	+	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	17/40 (42,5)	
	Leber, Magen, Herz (à 250g)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	+	+	+	+	+	+	+	24/24 (100)	
	Halshaut nach Luftkühlung (à 25g)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	87/90 (96,7)	
	Endprodukt (Schlachtkörper)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	58/60 (96,7)	
	Transportkisten-waschwasser (100 ml)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	12/12 (100)	
nach Schlachtung	Betäubungsbad (100ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	+	+	+	+	+	+	+	8/8 (100)	
	Brühwasser (100ml)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	12/12 (100)	
	Wasser aus Leber-Magen-Wanne (100ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	+	+	+	+	+	+	+	8/8 (100)	
	Wasser aus Leber-Magen-Wanne (100ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	+	+	+	+	+	+	+	8/8 (100)	

R/D= Reinigung/Desinfektion; k.P.= keine Probenahme ; += Campylobacter-positiv; -= Campylobacter-negativ

4.1.2.1 Ergebnisse der Untersuchung auf *Campylobacter*-Kontaminationen an einzelnen Schlachtstationen (Schlachtung positiver Herden)

1. Prozeßwasser

Die Prozeßwässer waren teilweise schon vor Schlachtbeginn und generell nach Schlachtung positiver Herden mit thermophilen *Campylobacter* spp. kontaminiert (Tab. 28).

Aus logistischen Gründen konnten nicht bei jeder Schlachtung alle Prozeßwässer beprobt werden. Die Beprobung vor Schlachtung erfolgte bei den positiven Herden jeweils nur vor dem Durchlauf der ersten Herde des Schlachttages.

Tab. 28: Kontamination von Prozeßwässern mit thermophilen *Campylobacter* spp. vor und nach Schlachtung positiver Herden der Mäster A,B

		Campylobacter-Status (Anzahl positiv/Anzahl Proben)											
Monat		Mrz 02		Apr 02		Mai 02		Jun 02		Juli 02		Aug 02	
Mastbetrieb		B		A		B		A		B		B	
Herden (2/ Schlachttag)		4	1	15	11	3	2	5	8	4	3	1	4
vor Schlachtung	Transportkisten- waschwasser	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	+	k.P.	+	k.P.	+	k.P.	+	k.P.
		(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)
	Betäubungsbad	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	+	k.P.	-	k.P.	-	k.P.	-	k.P.
		(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(0/1)	(0/1)	(0/1)	(0/1)	(0/1)	(0/1)
Brühwasser	+	k.P.	+	k.P.	+	k.P.	-	k.P.	-	k.P.	-	k.P.	
	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(0/1)	(0/1)	(0/1)	(0/1)	(0/1)	(0/1)	
Wasser aus Leber-Magen- Wanne	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	+	k.P.	+	k.P.	-	k.P.	-	k.P.	
	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(0/1)	(0/1)	(0/1)	(0/1)	
nach Schlachtung	Transportkisten- waschwasser	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
		(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)
	Betäubungsbad	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	+	+	+	+	+	+	+	+
		(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)
Brühwasser	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	
	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	
Wasser aus Leber-Magen- Wanne	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	+	+	+	+	+	+	+	+	
	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	(1/1)	

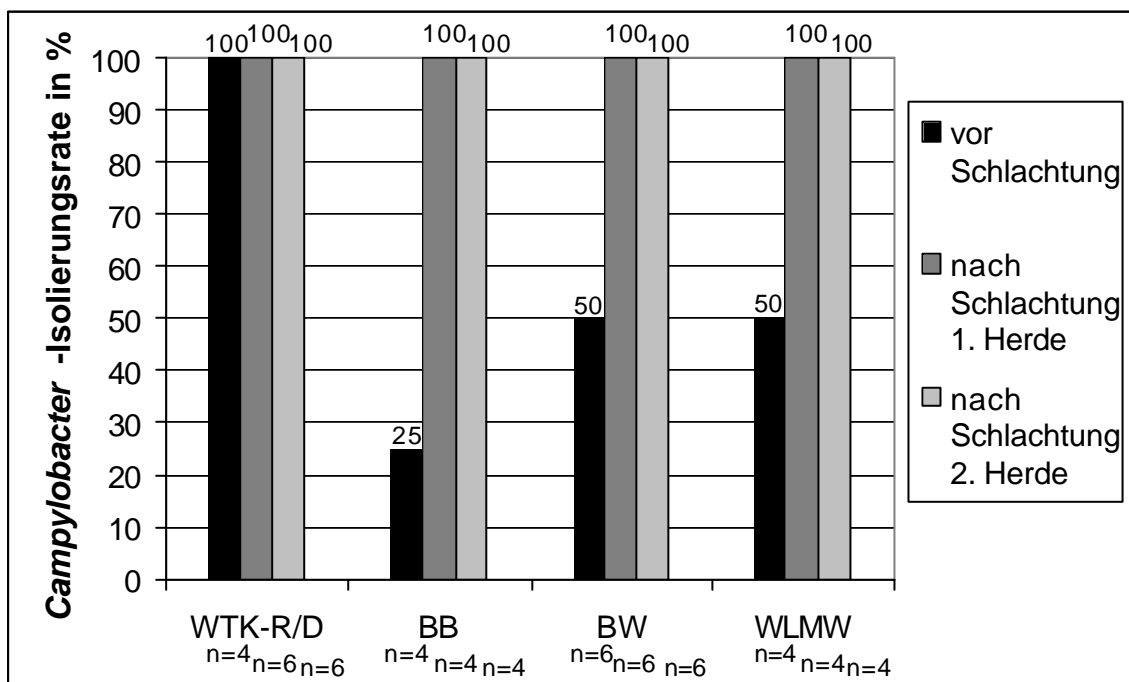
k.P.= keine Probenahme; += Kontamination mit thermophilen *Campylobacter* spp.;
- = *Campylobacter*-negativ

a. Vor Schlachtbeginn der positiven Herden

Insgesamt waren 4 von n=4 Proben (100%) des Transportkistenwaschwassers, 1 von n=4 Proben (25%) des Betäubungsbades, 3 von n=6 Proben (50%) des Brühwassers sowie 2 von n=4 Proben (50%) des Wassers aus der Leber-Magen-Wanne mit thermophilen *Campylobacter* spp. kontaminiert (Tab. 28, Abb. 12).

b. Nach Schlachtung der positiven Herden

Alle untersuchten Proben (100%) von Transportkistenwaschwasser (n=12), Betäubungsbad (n=8), Brühwasser (n=12) und Wasser aus der Leber-Magen-Wanne (n=8) waren mit thermophilen *Campylobacter* spp. kontaminiert (Tab. 28, Abb. 12).



WTK-R/D= Wasser Transportkisten-Reinigung/Desinfektion; BB= Betäubungsbad; BW= Brühwasser; WLMW= Wasser aus der Leber-Magen-Wanne

Abb. 12: Isolierungsraten von thermophilen *Campylobacter* spp. aus Prozeßwässern (n=58) vor und nach Schlachtung von positiven Herden (1. und 2. Herde/Schlachttag) der Mastbetriebe A und B

2. Transportkisten

Die Transportkisten waren generell bei den 12 untersuchten positiven Herden sowohl vor als auch nach Reinigung und Desinfektion mit thermophilen *Campylobacter* spp. kontaminiert (Tab. 29).

a. Vor Reinigung und Desinfektion

Bis auf eine Untersuchung mit einer Isolierungsrate von 80% waren bei den restlichen 11 belasteten Herden jeweils alle n=5 bzw. n=10 entnommenen Tupferproben (100%) von den Transportkisten *Campylobacter*-positiv (Abb. 13). Insgesamt konnten aus n=90 Proben 89 Isolate (98,9%) gewonnen werden.

b. Nach Reinigung und Desinfektion

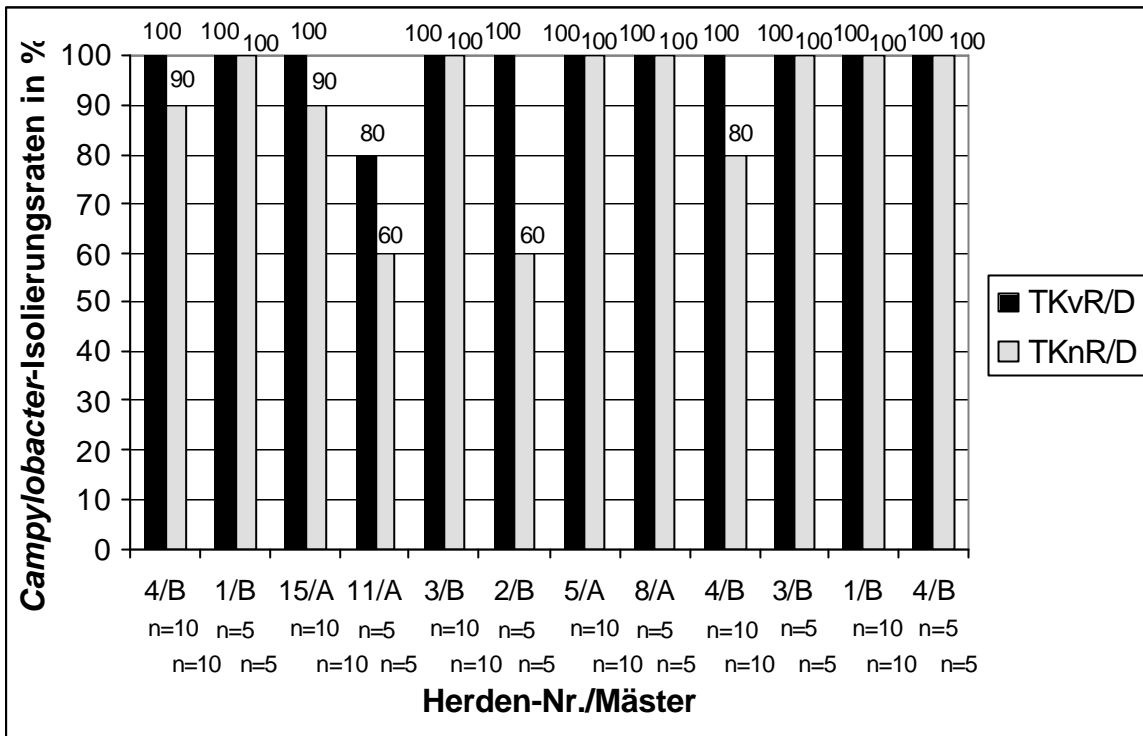
Die Isolierungsraten von n=5 bzw. n=10 Transportkisten-Tupferproben nach Reinigung und Desinfektion lagen zwischen 60% und 100% (Abb. 13). Von 12 untersuchten positiven Herden waren bei 7 sowohl vor als auch nach Reinigung und Desinfektion der Kisten jeweils alle Tupferproben (100%) mit *Campylobacter* spp. kontaminiert. 5 dieser Herden waren in den Sommermonaten Juni, Juli und August beprobt worden (Tab. 29).

Insgesamt waren von n=90 Proben 82 (91,1%) *Campylobacter*-positiv.

Tab. 29: Kontamination von Transportkisten mit thermophilen *Campylobacter* spp. vor und nach Reinigung/Desinfektion (bei positiven Herden der Mäster A, B)

Monat	<i>Campylobacter</i> -Status											
	Anzahl positiv/Anzahl Proben											
Mrz 02	Apr 02		Mai 02		Jun 02		Juli 02		Aug 02			
Mäster B	A		B		A		B		B			
Herde/Nr.	4	1	15	11	3	2	5	8	4	3	1	4
Transportkisten vor R/D	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	10/10	5/5	10/10	4/5	10/10	5/5	10/10	5/5	10/10	5/5	10/10	5/5
Transportkisten nach R/D	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	9/10	5/5	9/10	3/5	10/10	3/5	10/10	5/5	8/10	5/5	10/10	5/5

+ = kontaminiert mit thermophilen *Campylobacter* spp.; R/D = Reinigung/Desinfektion



TKvR/D= Transportkisten vor Reinigung und Desinfektion; TKnR/D= Transportkisten nach Reinigung und Desinfektion

Abb. 13: Isolierungsraten von Tupferproben der Transportkisten vor (n=90) und nach Reinigung und Desinfektion (n=90) bei positiven Herden der Mastbetriebe A und B

3. Brühen und Luftkühlung

Während der Schlachtung positiver Herden konnten bei allen Beprobungen sowohl im Anschluß an den Brühvorgang als auch direkt nach der Luftkühlung *Campylobacter*-Kontaminationen der Schlachtkörper festgestellt werden (Tab. 30).

Brühen

Die Isolierungsraten von n=5 bzw. n=10 Tupferproben von Schlachtkörpern direkt nach dem Brühvorgang lagen zwischen 80% bis 100% (Abb. 14). Von den 12 positiven Herden waren bei 6 Herden alle Proben nach dem Brühen *Campylobacter*-positiv (Tab. 30). Insgesamt waren an dieser Schlachtstation 82 (91,1%) von n=90 Proben mit *Campylobacter* spp. belastet.

Luftkühlung

Die Untersuchung der Halshäute von Schlachtkörpern direkt nach der Luftkühlung fiel zu 80% bis 100% *Campylobacter*-positiv aus (Abb. 14). Bei 9 der 12 untersuchten positiven Herden konnte eine *Campylobacter*-Belastung aller Schlachtkörperproben direkt nach Luftkühlung nachgewiesen werden (Tab. 30).

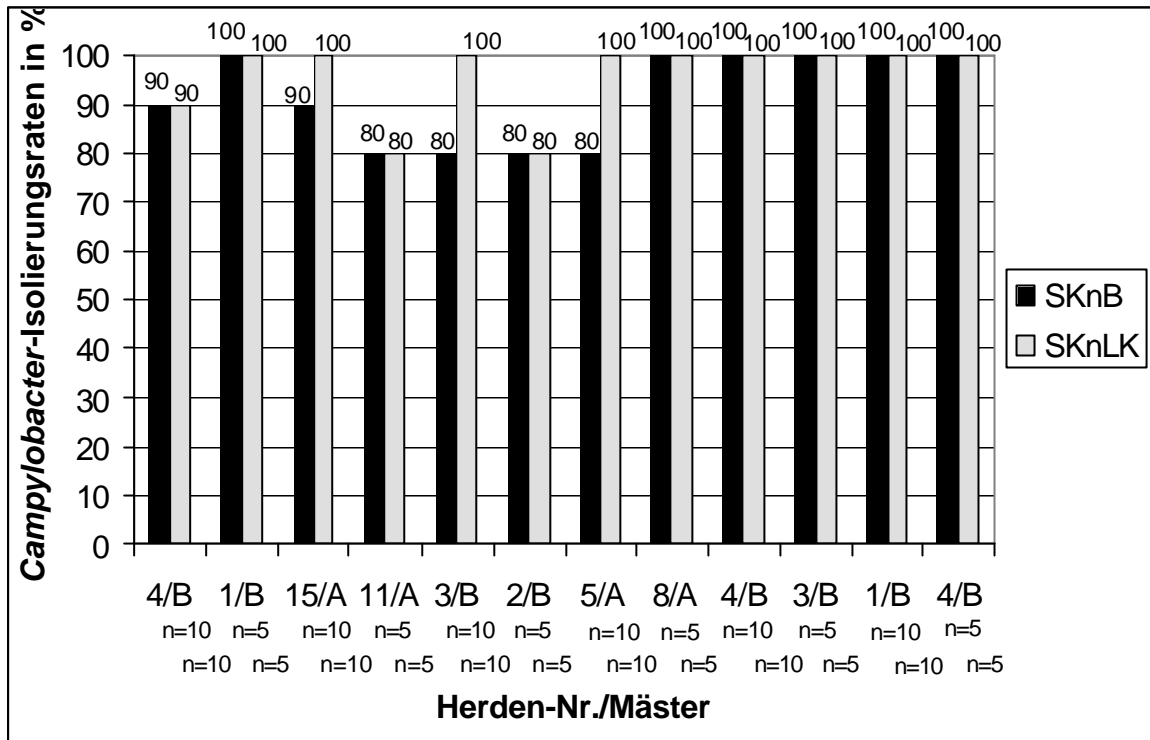
Insgesamt waren 87 (96,7%) von n=90 Proben mit thermophilen *Campylobacter* spp. belastet.

Bei 6 Herden wurden in jeweils allen Proben sowohl von Schlachtkörpern nach dem Brühen als auch von Schlachtkörpern direkt nach der Luftkühlung *Campylobacter* spp. nachgewiesen. 5 dieser Herden waren in den Sommermonaten Juni, Juli bzw. August beprobt worden (Tab. 30).

Tab. 30: Kontamination von Schlachthähnchen mit thermophilen *Campylobacter* spp. im Anschluß an Brühen und Luftkühlung (bei positiven Herden der Mäster A, B)

Monat	<i>Campylobacter</i> -Status											
	Anzahl positiv/Anzahl Proben											
Mrz 02	Apr 02		Mai 02		Jun 02		Juli 02		Aug 02			
Mäster B	Mäster A		Mäster B		Mäster A		Mäster B		Mäster B			
Herde/Nr.	4	1	15	11	3	2	5	8	4	3	1	4
Tierkörper nach Brühen	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	9/10	5/5	9/10	4/5	8/10	4/5	8/10	5/5	10/10	5/5	10/10	5/5
Tierkörper nach Luftkühlung	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	9/10	5/5	10/10	4/5	10/10	4/5	10/10	5/5	10/10	5/5	10/10	5/5

+ = kontaminiert mit thermophilen *Campylobacter* spp.



SKnB= Schlachtkörper nach Brühen; SKnLK= Schlachtkörper nach Luftkühlung

Abb. 14: Isolierungsraten thermophiler *Campylobacter* spp. von Schlachtkörpern direkt nach dem Brühprozeß (n=90) und im Anschluß an die Luftkühlung (n=90) bei positiven Herden der Mastbetriebe A und B

4. Blinddärme

Während bei negativen Herden keine thermophilen *Campylobacter* spp. isoliert werden konnten, betrug die Detektionsrate bei den positiven Herden 30% bis 70% (Tab. 31). Insgesamt waren von n=40 untersuchten Blinddärmen positiver Herden 17 (42,5%) mit *Campylobacter* spp. belastet.

Tab. 31: Isolierungsraten von thermophilen *Campylobacter* spp. aus Blinddärmen positiver Herden der Mäster A und B

Monat	Campylobacter -Status															
	Anzahl positiv/Anzahl Proben															
Mäster	Mrz 02		Apr 02		Mai 02		Jun 02		Juli 02		Aug 02					
Herde/Nr.	B		A		B		A		B		B					
Blinddärme	4	1	15	11	3	2	5	8	4	3	1	4				
	+	+	+	+	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.				
	3/10 4/10		7/10 3/10													

k.P.= keine Probenahme; += Kontamination mit thermophilen *Campylobacter* spp.

5. Innereien und Endprodukte

Bei allen positiven Herden waren sowohl Lebern, Mägen und Herzen als auch Endprodukte (Schlachtkörper ohne Innereien), welche abgepackt und fertig für den Handel waren, mit *Campylobacter* spp. kontaminiert (Tab. 32).

Innereien

Sämtliche untersuchten n=3 Proben von Lebern, Mägen und Herzen waren jeweils bei den positiven Herden mit *Campylobacter* spp. kontaminiert (24 positiv/24 Proben). 54,2% der Isolate konnten der Spezies *C. jejuni* und 45,8% der Spezies *C. coli* zugeordnet werden. 18,2% der isolierten *C. coli*-Stämme waren Nalidixinsäure-resistent.

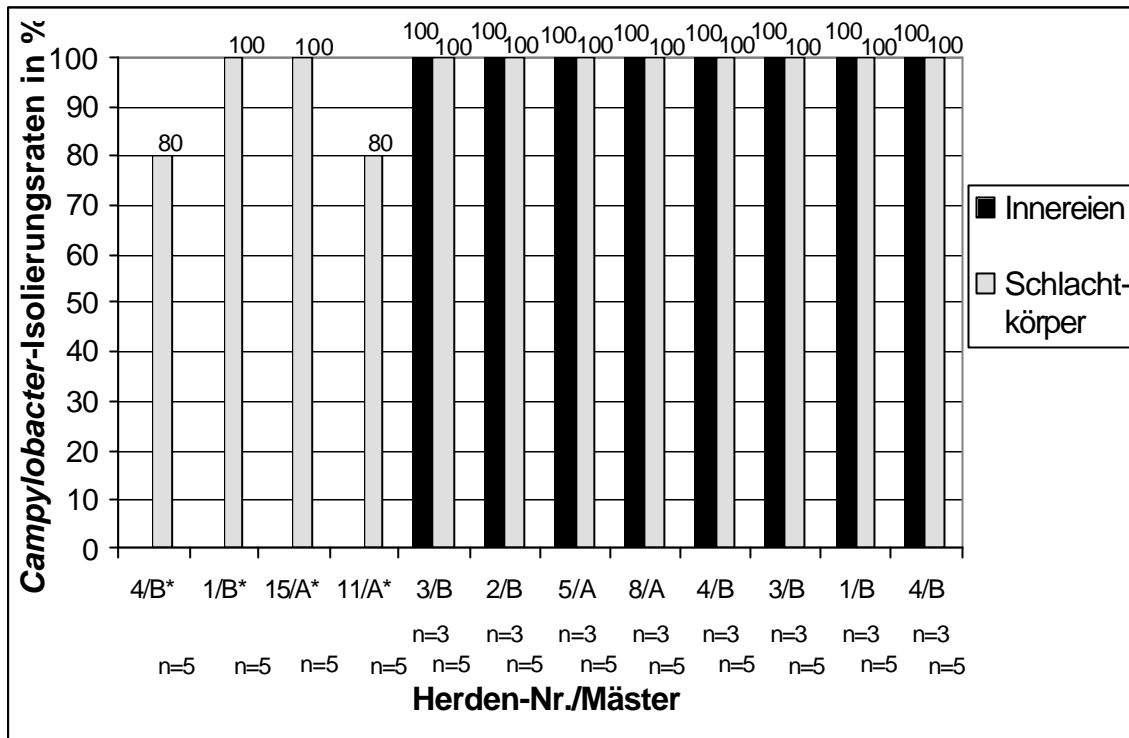
Endprodukte

Die Isolierungsraten von den jeweils n=5 untersuchten Endprodukten lag zwischen 80% bis 100% (Abb. 15). Von 10 der 12 positiven Herden waren jeweils alle Proben *Campylobacter*-positiv. Bei den restlichen 2 Herden hatten 80% der untersuchten Endprodukte eine *Campylobacter*-Kontamination. Insgesamt waren 58 (96,7%) von n=60 Proben mit thermophilen *Campylobacter* spp. belastet. Die Speziesverteilung lag bei 60,3% *C. jejuni* und bei 39,7% *C. coli*. 5,7% der *C. jejuni*-Isolate und 34,8% der *C. coli*-Isolate wiesen eine Nalidixinsäure-Resistenz auf. In den Sommermonaten Mai, Juni, Juli und August waren bei allen 8 Herden sowohl sämtliche Innereienproben als auch alle untersuchten Endprodukte mit thermophilen *Campylobacter* spp. kontaminiert.

Tab. 32: Kontamination von Innereien und Endprodukten mit thermophilen *Campylobacter* spp. (bei positiven Herden der Mäster A und B)

Monat	<i>Campylobacter</i> -Status											
	Anzahl positiv/Anzahl Proben											
Mäster	Mrz 02		Apr 02		Mai 02		Jun 02		Juli 02		Aug 02	
Herde/Nr.	B		A		B		A		B		B	
	4	1	15	11	3	2	5	8	4	3	1	4
Leber,	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	+	+	+	+	+	+	+	+
Magen,					3/3	3/3	3/3	3/3	3/3	3/3	3/3	3/3
Herz												
Endprodukt (Schlacht- körper)	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
	4/5	5/5	5/5	4/5	5/5	5/5	5/5	5/5	5/5	5/5	5/5	5/5

k.P.= keine Probenahme; += Kontamination mit thermophilen *Campylobacter* spp.



*= keine Untersuchung von Innereien

Abb. 15: Isolierungsraten thermophiler *Campylobacter* spp. von Innereien (n=24) und Endprodukten (n=60) bei positiven Herden der Mäster A und B

4.1.2.1.1 Isolierungsraten von thermophilen *Campylobacter* spp. an 6 ausgewählten Schlachtstationen

Die Isolierungsrate von thermophilen *Campylobacter* spp. betrug bei Transportkisten vor Reinigung und Desinfektion 98,9% (89 positiv/90 Proben). Nach Reinigung und Desinfektion lag sie noch bei 91,1% (82 positiv/90 Proben).

Nach dem Brühvorgang war die Isolierungsrate mit 91,1% (82 positiv/90 Proben) bei den Tupferproben von Schlachtkörpern gleich hoch.

Die Innereienproben (Lebern, Mägen, Herzen), welche in der Eviszeration entnommen wurden, waren zu 100% *Campylobacter*-positiv (24 positiv/24 Proben).

Die Nachweisrate aus Halshautproben vom Schlachtkörper direkt nach Luftkühlung war im Vergleich zu den Proben direkt nach dem Brühen signifikant erhöht mit 96,7% (87 positive/90 Proben). Die Isolierungsrate bei den Endprodukten (Schlachtkörper ohne Innereien) lag mit 96,7% (58 positive/60 Proben) genauso hoch wie bei den Halshautproben direkt nach der Luftkühlung. In der Anhangsabb. 1 sind die Isolierungsraten von *Campylobacter* spp. dargestellt, welche bei Beprobungen aller 12 positiven Herden der

Mastbetriebe A und B an 6 ausgewählten Stationen in der Schlachtung gewonnen wurden.

4.1.2.2 Speziesverteilung in der Schlachtung

Die Speziesverteilung innerhalb aller n=489 gewonnenen Isolate lag bei n=313 *C. jejuni*-Stämmen (64,0%) und bei n=176 *C. coli*-Stämmen (36,0%).

7 *C. jejuni*-Isolate (2,2%) waren Nalidixinsäure-resistent. Bei den *C. coli*-Stämmen wiesen 53 (30,1%) eine Nalidixinsäure-Resistenz auf.

4.1.2.3 Ergebnisse der Temperatur- und pH-Wert-Messungen

An allen 11 Probeentnahmetagen in der Schlachtung wurden insgesamt n=77 Temperaturwerte sowie n=77 pH-Werte von den untersuchten Prozeßwässern vor Schlachtbeginn und nach Durchlauf der Herden gemessen. Darüber hinaus erfolgte eine Temperatur- und pH-Wert-Messung bei allen 110 beprobten Endprodukten (Unterhautgewebe) sowie eine pH-Wert-Messung bei allen 51 entnommenen Innereienproben.

Temperaturwerte

Temperatur der Prozeßwässer

Hervorzuheben ist hierbei, daß das Brühwasser von ca. +53°C vor Schlachtbeginn auf durchschnittlich +50°C nach Durchlauf der Herden abkühlte. Die Temperaturen der anderen Prozeßwässer lagen im Schnitt zwischen +15°C (Wasser aus Leber-Magen-Wanne) und +18°C (Transportkistenwaschwasser) vor Schlachtbeginn bzw. zwischen +16°C (Wasser aus Leber-Magen-Wanne) und +22°C (Transportkistenwaschwasser) nach Durchlauf der Herden.

Temperatur der Endprodukte

Das Unterhautgewebe der Schlachtkörper hatten direkt im Anschluß an die Luftkühlung eine durchschnittliche Temperatur von +4°C.

pH-Werte

pH-Wert der Prozeßwässer

Die pH-Werte der Prozeßwässer vor Schlachtbeginn lagen im Schnitt zwischen pH 7,5 (Wasser aus Leber-Magen-Wanne) und pH 8,3 (Brühwasser). Nach

Durchlauf der Herden waren die Werte auf durchschnittlich pH 6,9 (Brühwasser) bis pH 6,4 (Wasser aus Leber-Magen-Wanne) gefallen.

pH-Wert der Innereien und Endprodukte

Die Lebern hatten durchschnittliche Werte um pH 6,2, die Mägen um pH 6,4 und die Herzen um pH 6,9. Bei den Endprodukten (Schlachtkörper) ergaben die Messungen im Schnitt pH-Werte um pH 7,2.

In der Anhangstab. 5 sind die Ergebnisse der Temperatur- und pH-Wert-Messungen dargestellt.

4.1.2.4 Ergebnisse von Untersuchungen auf das Vorkommen thermophiler *Campylobacter* spp. bei Herden des Mastbetriebes A in der Schlachtung

Im Zeitraum Januar bis Juni 2002 wurden insgesamt 8 Hähnchenherden dieses Betriebes vor, während und nach der Schlachtung beprobt. Von diesen Herden waren zuvor in der Mast 2 Herden *Campylobacter*-negativ und 6 Herden positiv gewesen.

Die Probenahme erfolgte bei den *Campylobacter*-negativen Herden im Januar (Nr. 2 und 4) sowie bei den positiven Herden im April (Nr. 11 und 15), Mai (Nr. 12 und 13) und Juni (Nr. 5 und 8).

Die entnommenen Proben der negativen Herden blieben sowohl vor, während als auch nach der Schlachtung frei von einer nachweislichen *Campylobacter*-Belastung. Dagegen konnten bei den positiven Herden an nahezu allen Stationen vor, während und nach Schlachtung *Campylobacter* spp. isoliert werden. Zuvor waren in der Mast jeweils alle 10 Kottupferproben *Campylobacter*-positiv ausgefallen. 87 Proben der Herden 12 und 13 (Mai) konnten aufgrund starker Begleitkeimflora nicht ausgewertet werden. Trotz Gattungsbestimmung durch mikroskopischen Nachweises der „Beweglichkeit“ und der Bakterienmorphologie war eine Isolierung und Speziesdifferenzierung der *Campylobacter* spp. wegen des Überwachsens der Agarplatten durch Begleitkeime (vermutlich *Proteus*) nicht möglich.

Die Ergebnisse der Speziesbestimmung von Isolaten, welche vor, während und nach Schlachtung von den positiven Herden des Mastbetriebes A gewonnen wurden, sind in der Tab. 33 dargestellt.

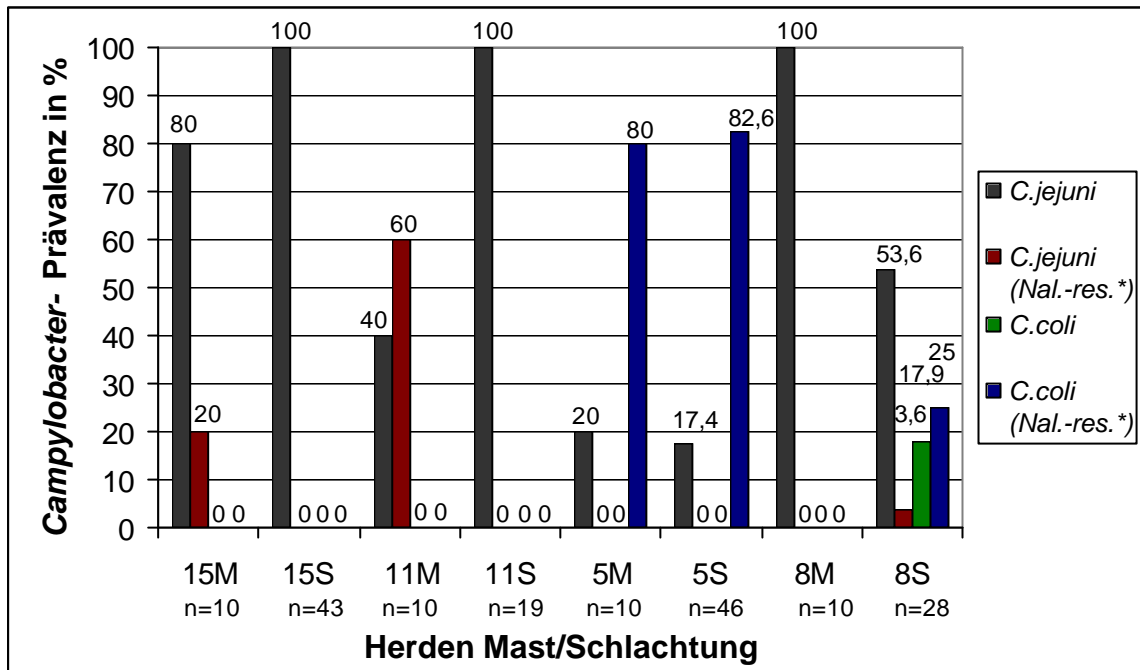
Tab. 33: *Campylobacter*-Prävalenz in positiven Herden (Nr.15, 11 April; Nr.5, 8 Juni) des Mästers A in der Schlachtung

Herde (2 Herden/Schlachttag)		15	11	15		11		5	8	5		8	
Isolate		Anz.positiv/n (%)		<i>C.iejuni</i>	<i>C.coli</i>	<i>C.iejuni</i>	<i>C.coli</i>	Anz.positiv/n (%)		<i>C.iejuni</i>	<i>C.coli</i>	<i>C.iejuni</i>	<i>C.coli</i>
Mas	Blinddarmkot (Tupfer)	10/10 (100)	10/10 (100)	10 (2*)	0	10 (6*)	0	10/10 (100)	10/10 (100)	2	8*	10	0
	Transportkisten vor R/D (Tupfer)	10/10 (100)	4/5 (80)	10	0	4	0	10/10 (100)	5/5 (100)	2	8*	3	2
vor Schlachtung	Transportkisten nach R/D (Tupfer)	9/10 (90)	3/5 (60)	9	0	3	0	10/10 (100)	5/5 (100)	0	10*	2	3*
	Transportkistenwaschwasser (100 ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	1/1 (100)	k.P.	1*	0	k.P.	k.P.
	Betäubungsbad (100 ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	0/1	k.P.	0	0	k.P.	k.P.
	Brühwasser (100 ml)	1/1 (100)	k.P.	1	0	k.P.	k.P.	0/1	k.P.	0	0	k.P.	k.P.
	Wasser aus Leber-Magen-Wanne (100 ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	1/1 (100)	k.P.	1*	0	k.P.	k.P.
Schlachtung	Tupferabstrich v. Tierkörper nach Brühen	9/10 (90)	4/5 (80)	9	0	4	0	8/10 (80)	5/5 (100)	1	7*	4	1
	Leber, Magen, Herz (à 250g)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	3/3 (100)	3/3 (100)	1,0,1	0,1*,0	1,1,0	0,0,1*
	Halshaut nach Luftkühlung (à 25g)	10/10 (100)	4/5 (80)	10	0	4	0	10/10 (100)	5/5 (100)	3	7*	3(1*)	2(1*)
	Endprodukt (Schlachtkörper)	5/5 (100)	4/5 (80)	5	0	4	0	5/5 (100)	5/5 (100)	0	5*	2	3(2*)
nach Schlachtung	Transportkistenwaschwasser (100 ml)	1/1 (100)	1/1 (100)	1	0	1	0	1/1 (100)	1/1 (100)	0	1*	0	1
	Betäubungsbad (100ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	1/1 (100)	1/1 (100)	0	1*	1	0
	Brühwasser (100ml)	1/1 (100)	1/1 (100)	1	0	1	0	1/1 (100)	1/1 (100)	0	1*	1	0
	Wasser aus Leber-Magen-Wanne (100ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	1/1 (100)	1/1 (100)	0	1*	0	1*
Summe (Schlachtung)		46/48 (95,8)	21/27 (77,8)	46	0	21	0	52/56 (92,9)	32/32 (100)	10(2*)	42*	18(1*)	14(8*)

Anz.= Anzahl; n= Gesamtprobenzahl; R/D= Reinigung/Desinfektion; k.P.= keine Probenahme; *= Nalidixinsäure-resistente Stämme

Vergleich Speziesverteilung in Mast und Schlachtung

In der Abb. 16 sind die Speziesverteilungen innerhalb aller gewonnenen Isolate aus Mast und Schlachtung (außer Prozeßwasser- und Blinddarm-Isolate) der Herden 15 und 11 (April) sowie 5 und 8 (Juni) dargestellt.



M= Mast; S= Schlachtung; *= Nalidixinsäure-resistent

Abb. 16: Speziesverteilung innerhalb der gewonnenen Isolate aus Mast und Schlachtung von Herden des Mastbetriebes A

Bei den Herden 15 und 11 waren sowohl in der Mast als auch in der Schlachtung ausschließlich *C. jejuni*-Stämme isoliert worden. Allerdings gelang im Gegensatz zur Mast in der Schlachtung keine Isolierung von Nalidixinsäure-resistenten *C. jejuni*-Stämmen. Das Brühwasser, welches als einziges Prozeßwasser vor Schlachtung beprobt wurde, war bereits mit *Campylobacter* spp. (*C. jejuni*) kontaminiert (Tab. 33).

Insgesamt wurden in der Schlachtung 46 *C. jejuni*-Isolate (95,8%) aus n=48 Proben von der Herde 15 bzw. 21 *C. jejuni*-Isolate (77,8%) aus n=27 Proben von der Herde 11 gewonnen.

Die Speziesverteilung bei der Herde 5 (ca. 20% *C. jejuni* und ca. 80% Nalidixinsäure-resistente *C. coli*) ist in Mast und Schlachtung fast gleich geblieben. Die Schlacht-Isolate der Herde 8, welche direkt im Anschluß an die Herde 5

geschlachtet wurde, setzten sich im Gegensatz zur Mast (100% *C. jejuni*-Isolate) sowohl aus *C. jejuni*- als auch aus *C. coli*-Stämmen zusammen. Bei beiden Spezies traten teilweise Nalidixinsäure-Resistenzen auf.

Bei den Prozeßwässern waren alle nach Durchlauf der Herde 5 sowie Wasser aus der Leber-Magen-Wanne nach Durchlauf der Herde 8 mit Nalidixinsäure-resistenten *C. coli* kontaminiert. Auffällig war die Kontamination von Transportkistenwaschwasser und Wasser aus der Leber-Magen-Wanne vor Schlachtbeginn mit Nalidixinsäure-resistenten *C. jejuni* (Tab. 33).

Insgesamt wurden in der Schlachtung bei der Herde 5 10 *C. jejuni*-Isolate (19,2%), von denen 2 Nalidixinsäure-resistent waren, und 42 Nalidixinsäure-resistente *C. coli*-Isolate (80,8%) gewonnen. Von n=56 Proben waren somit 52 (92,9%) positiv.

Die Speziesverteilung innerhalb aller gewonnenen Isolate der Herde 8 lag bei 18 *C. jejuni*-Stämmen (56,3%), von denen 1 Isolat Nalidixinsäure-resistent war, und 14 *C. coli*-Stämmen (43,8%), von denen 8 eine Nalidixinsäure-Resistenz aufwiesen. Alle n=32 Proben (100%) waren *Campylobacter*-positiv.

4.1.2.5 Ergebnisse von Untersuchungen auf das Vorkommen thermophiler *Campylobacter* spp. bei Herden des Mastbetriebes B in der Schlachtung

Insgesamt wurden 12 Hähnchenherden dieses Betriebes im Zeitraum Dezember 2001 bis August 2002 vor, während und nach der Schlachtung beprobt. Von diesen Herden waren zuvor in der Mast 4 Herden *Campylobacter*-negativ und 8 Herden mit thermophilen *Campylobacter* spp. belastet gewesen. Die Probenahme erfolgte bei den negativen Herden im Dezember (Nr. 3 und 4) und Februar (Nr. 1 und 4) sowie bei den positiven Herden im März (Nr. 4 und 1), Mai (Nr. 3 und 2), Juli (Nr. 4 und 3) und August (Nr. 1 und 4). Die entnommenen Proben der negativen Herden blieben in der Schlachtung ohne nachweisliche Kontamination mit *Campylobacter* spp. Dagegen konnten bei den positiven Herden an nahezu allen Stationen vor, während und nach Schlachtung *Campylobacter* spp. isoliert werden. Zuvor waren in der Mast jeweils alle 10 Kottupfer positiv ausgefallen.

In den Tab. 34 und 35 sind die Ergebnisse der Speziesdifferenzierung aller gewonnenen Schlacht-Isolate von positiven Herden des Betriebes B dargestellt.

Tab. 34: *Campylobacter*-Prävalenz in positiven Herden (Nr.4, 1 März; Nr.3, 2 Mai) des Mästers B in der Schlachtung

Herde (2 Herden/Schlachttag)		4	1	4	1	3	2	3	2	3	2		
Isolate		Anz.positiv/n (%)		<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>	<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>	Anz.positiv/n (%)		<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>	<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>
Mas	Blinddarmkot (Tupfer)	10/10 (100)	10/10 (100)	7	3	8	2	10/10 (100)	10/10 (100)	10	0	10	0
	Transportkisten vor R/D (Tupfer)	10/10 (100)	5/5 (100)	6	4	2	3	10/10 (100)	5/5 (100)	8	2	5	0
vor Schlachtung	Transportkisten nach R/D (Tupfer)	9/10 (90)	5/5 (100)	4	5	3	2	10/10 (100)	3/5 (60)	9	1	3	0
	Transportkistenwaschwasser (100 ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	1/1 (100)	k.P.	1	0	k.P.	k.P.
	Betäubungsbad (100 ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	1/1 (100)	k.P.	1	0	k.P.	k.P.
	Brühwasser (100 ml)	1/1 (100)	k.P.	0	1	k.P.	k.P.	1/1 (100)	k.P.	1	0	k.P.	k.P.
	Wasser aus Leber-Magen-Wanne (100 ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	1/1 (100)	k.P.	1	0	k.P.	k.P.
	Tupferabstrich v. Tierkörper nach Brühen	9/10 (90)	5/5 (100)	5	4	2	3	8/10 (80)	4/5 (80)	7	1	4	0
Schlachtung	Leber, Magen, Herz (à 250g)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	3/3 (100)	3/3 (100)	0,1,0	1,0,1	0,1,1	1,0,0
	Halshaut nach Luftkühlung (à 25g)	9/10 (90)	5/5 (100)	3	6	3	2	10/10 (100)	4/5 (80)	9	1	3(2*)	1
	Endprodukt (Schlachtkörper)	4/5 (80)	5/5 (100)	4	0	2	3	5/5 (100)	5/5 (100)	5	0	4(2*)	1
	Transportkistenwaschwasser (100 ml)	1/1 (100)	1/1 (100)	1	0	1	0	1/1 (100)	1/1 (100)	1	0	1	0
nach Schlachtung	Betäubungsbad (100ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	1/1 (100)	1/1 (100)	1	0	1	0
	Brühwasser (100ml)	1/1 (100)	1/1 (100)	0	1	1	0	1/1 (100)	1/1 (100)	1	0	1	0
	Wasser aus Leber-Magen-Wanne (100ml)	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	k.P.	1/1 (100)	1/1 (100)	1	0	1	0
	Summe (Schlachtung)	44/48 (91,7)	27/27 (100)	23	21	14	13	54/56 (96,4)	28/32 (87,5)	47	7	25(4*)	3

Anz.= Anzahl; n= Gesamtprobenzahl; R/D= Reinigung/Desinfektion; k.P.= keine Probennahme; *= Nalidixinsäure-resistente Stämme

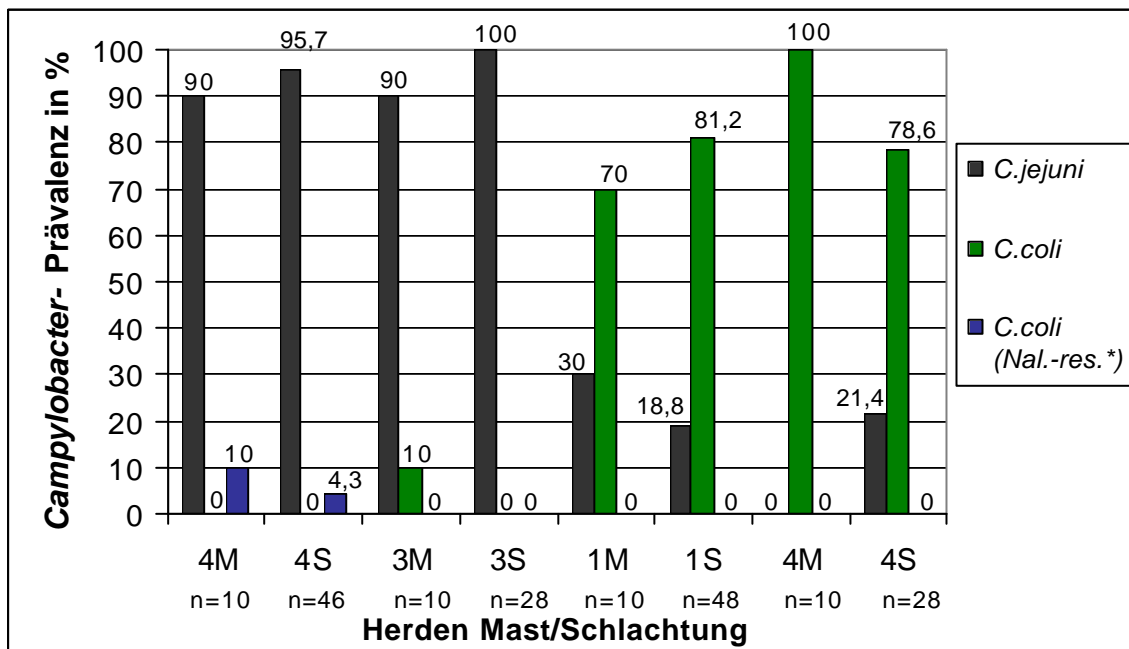
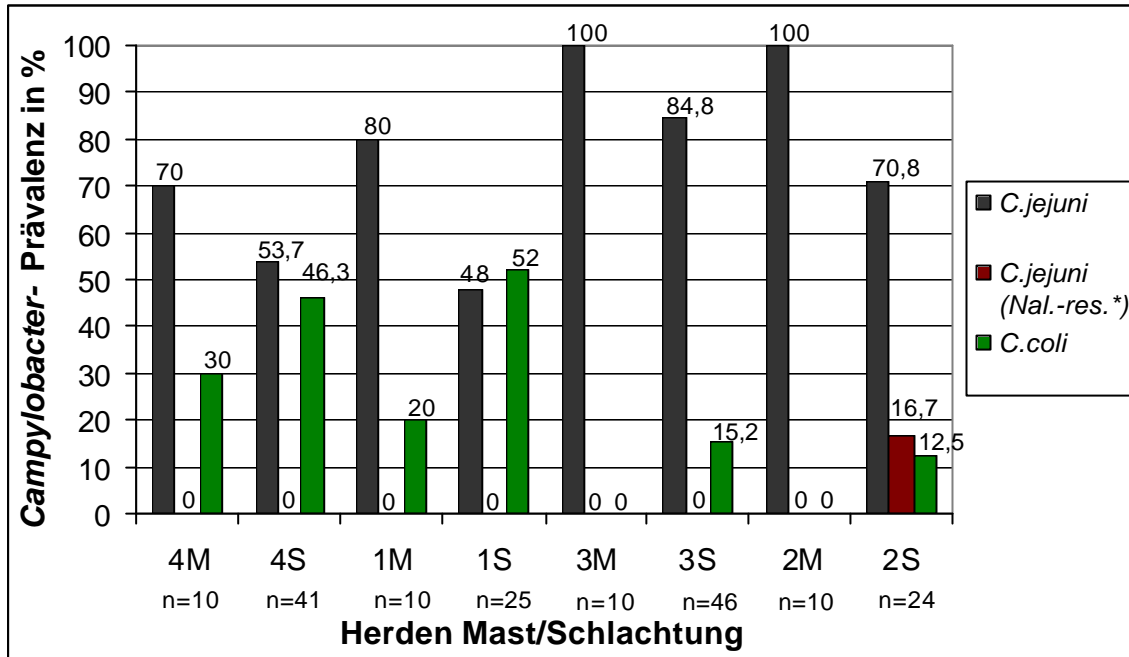
Tab. 35: *Campylobacter*-Prävalenz in positiven Herden (Nr.4, 3 Juli; Nr.4, 1 August) des Mästers B in der Schlachtung

Herde (2 Herden/Schlachttag)		4	3	4		3		1	4	1	4		
Isolate		Anz.positiv/n (%)		<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>	<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>	Anz.positiv/n (%)		<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>	<i>C. jejuni</i>	<i>C. coli</i>
Mas	Blinddarmkot (Tupfer)	10/10 (100)	10/10 (100)	9	1*	9	1	10/10 (100)	10/10 (100)	3	7	0	10
	Transportkisten vor R/D (Tupfer)	10/10 (100)	5/5 (100)	10	0	5	0	10/10 (100)	5/5 (100)	4	6	1	4
vor Schlachtung	Transportkisten nach R/D (Tupfer)	8/10 (80)	5/5 (100)	7	1*	5	0	10/10 (100)	5/5 (100)	3	7	2	3
	Transportkistenwaschwasser (100 ml)	1/1 (100)	k.P.	1	0	k.P.	k.P.	1/1 (100)	k.P.	1	0	k.P.	k.P.
	Betäubungsbad (100 ml)	0/1	k.P.	0	0	k.P.	k.P.	0/1	k.P.	0	0	k.P.	k.P.
	Brühwasser (100 ml)	0/1	k.P.	0	0	k.P.	k.P.	0/1	k.P.	0	0	k.P.	k.P.
	Wasser aus Leber-Magen-Wanne (100 ml)	0/1	k.P.	0	0	k.P.	k.P.	0/1	k.P.	0	0	k.P.	k.P.
	Tupferabstrich v. Tierkörper nach Brühen	10/10 (100)	5/5 (100)	10	0	5	0	10/10 (100)	5/5 (100)	2	8	3	2
Schlachtung	Leber, Magen, Herz (à 250g)	3/3 (100)	3/3 (100)	1,1,1	0,0,0	1,1,1	0,0,0	3/3 (100)	3/3 (100)	0,0,0	1,1,1	0,0,0	1,1,1
	Halshaut nach Luftkühlung (à 25g)	10/10 (100)	5/5 (100)	10	0	5	0	10/10 (100)	5/5 (100)	0	10	0	5
	Endprodukt (Schlachtkörper)	5/5 (100)	5/5 (100)	4	1*	5	0	5/5 (100)	5/5 (100)	0	5	0	5
	Transportkistenwaschwasser (100 ml)	1/1 (100)	1/1 (100)	1	0	1	0	1/1 (100)	1/1 (100)	0	1	0	1
nach Schlachtung	Betäubungsbad (100ml)	1/1 (100)	1/1 (100)	1	0	1	0	1/1 (100)	1/1 (100)	0	1	0	1
	Brühwasser (100ml)	1/1 (100)	1/1 (100)	1	0	1	0	1/1 (100)	1/1 (100)	0	1	0	1
	Wasser aus Leber-Magen-Wanne (100ml)	1/1 (100)	1/1 (100)	0	1*	1	0	1/1 (100)	1/1 (100)	0	1	0	1
	Summe (Schlachtung)	51/56 (91.1)	32/32 (100)	48	3*	32	0	53/56 (94.6)	32/32 (100)	10	43	6	26

Anz.= Anzahl; n= Gesamtprobenzahl; R/D= Reinigung/Desinfektion; k.P.= keine Probennahme; *= Nalidixinsäure-resistente Stämme

4.1.3 Vergleich Speziesverteilung in Mast und Schlachtung

In den Abb. 17 und 18 sind die Speziesverteilungen innerhalb aller gewonnenen Isolate aus Mast und Schlachtung (außer Prozeßwasser- und Blinddarm-Isolate) der Herden 4 und 1 (März), 3 und 2 (Mai) sowie 4 und 3 (Juli) bzw. 1 und 4 (August) dargestellt.



M= Mast; S= Schlachtung; *= Nalidixinsäure-resistent

Abb.17, 18: Speziesverteilung innerhalb der gewonnenen Isolate aus Mast und Schlachtung von Herden des Mastbetriebes B

Die Isolate der Herden 4 und 1 (März) setzten sich sowohl in der Mast als auch in der Schlachtung aus *C. jejuni*- und *C. coli*-Stämmen zusammen. Eine Nalidixinsäure-Resistenz wurde weder bei Isolaten aus der Mast noch bei Isolaten aus der Schlachtung festgestellt. Das Brühwasser, welches als einziges Prozeßwasser vor Schlachtung beprobt wurde, war bereits mit *Campylobacter* spp. (*C. coli*) kontaminiert.

Insgesamt wurden in der Schlachtung 23 *C. jejuni*-Isolate (52,3%) und 21 *C. coli*-Isolate (47,7%) aus den Proben von der Herde 4 gewonnen. Von n=48 Proben waren somit 44 (91,7%) *Campylobacter*-positiv. Bei der Untersuchung der Herde 1 konnten 14 *C. jejuni*-Stämme (51,9%) und 13 *C. coli*-Stämme (48,1%) isoliert werden. Damit waren alle n=27 Proben (100%) positiv (Tab. 34).

Bei den Herden 3 und 2 (Mai) waren in der Mast zunächst ausschließlich *C. jejuni*-Stämme isoliert worden. In der Schlachtung konnten dagegen bei der Herde 3 neben *C. jejuni* zusätzlich *C. coli* sowie bei der Herde 2 zusätzlich *C. coli*- und Nalidixinsäure-resistente *C. jejuni*-Stämme isoliert werden. Alle beprobten Prozeßwässer waren sowohl vor Schlachtbeginn als auch nach Durchlauf der Herden mit *C. jejuni* kontaminiert.

Insgesamt wurden in der Schlachtung bei der Herde 3 47 *C. jejuni*-Isolate (87,0%) und 7 *C. coli*-Isolate (13,0%) gewonnen. 54 (96,4%) von n=56 Proben waren somit positiv. Die Speziesverteilung innerhalb aller gewonnenen Isolate der Herde 2 lag bei 25 *C. jejuni*-Stämmen (89,3%), von denen 4 eine Nalidixinsäure-Resistenz aufwiesen, und 3 *C. coli*-Stämmen (10,7%). Von n=32 Proben waren in dieser Untersuchung 28 (87,5%) *Campylobacter*-positiv ausgefallen (Tab. 34).

Die Mast-Isolate der Herden 4 und 3 (Juli) bestanden sowohl aus *C. jejuni* als auch aus *C. coli*. In der Schlachtung wurden dagegen nur bei der Herde 4 wie zuvor in der Mast neben *C. jejuni* auch Nalidixinsäure-resistente *C. coli* isoliert. Bei den Prozeßwässern waren vor Schlachtung nur das Transportkistenwaschwasser (*C. jejuni*) belastet. Nach Durchlauf der Herden waren alle Prozeßwässer bis auf ein Isolat (*C. coli*, Nal.-res.) ausschließlich mit *C. jejuni* kontaminiert.

Insgesamt wurden in der Schlachtung bei der Herde 4 48 *C. jejuni*-Stämme (94,1%) und 3 Nalidixinsäure-resistente *C. coli*-Stämme (5,9%) isoliert. Damit waren 51 (91,1%) von n=56 Proben mit *Campylobacter* spp. belastet gewesen. Bei der Herde 3 waren alle n=32 Proben (100%) mit *C. jejuni* belastet (Tab. 35).

Auffällig war die Isolierung von überwiegend *C. coli*-Stämmen bei den Herden 1 und 4 (August) in der Mast. Entsprechend überwogen *C. coli*-Isolate in der Schlachtung. Bei der Herde 4, welche direkt im Anschluß an die Herde 1 geschlachtet wurde, waren in der Mast zunächst ausschließlich *C. coli* isoliert worden. Die Schlacht-Isolate setzten sich dagegen sowohl aus *C. coli* als auch aus *C. jejuni* zusammen. Von den Prozeßwässern waren vor Schlachtbeginn nur das Transportkistenwaschwasser mit thermophilen *Campylobacter* spp. (*C. jejuni*) kontaminiert. Nach Durchlauf der Herden wurden aus sämtlichen Prozeßwasserproben *C. coli* isoliert.

Insgesamt konnten in der Schlachtung bei der Herde 1 10 *C. jejuni*-Stämme (18,9%) sowie 43 *C. coli*-Stämme (81,1%) isoliert werden. Damit waren von n=56 Proben 53 (94,6%) positiv.

Die Speziesdifferenzierung der Isolate aus allen positiven n=32 Schlachtproben (100%) der Herde 4 ergab eine Zusammensetzung aus 6 *C. jejuni*-Stämmen (18,8%) und 26 *C. coli*-Stämmen (81,2%) (Tab. 35).

4.1.4 Ergebnisse der molekularbiologischen Feintypisierung (PFGE) von ausgewählten *Campylobacter*-Isolaten aus der Mast und Schlachtung

Insgesamt wurden 45 *Campylobacter*-Isolate aus der Mast und 192 Isolate aus der Schlachtung für weitere Verfolgsuntersuchungen mittels Pulsfeld-Gel-elektrophorese (PFGE) genotypisch feindifferenziert. Bei den Stämmen handelte es sich um 130 *C. jejuni* Einzelkolonie-Isolate und 107 *C. coli* Einzelkolonie-Isolate.

Von 103 ausgewählten *Campylobacter*-Isolaten aus Mast und Schlachtung wurde die genomische DNA zusätzlich mit dem Restriktionsenzym *KpnI* verdaut und die DNA-Fragmente elektrophoretisch aufgetrennt.

In den Dendrogrammen der Abb. 19 und Abb. 20 wurde eine Clusterbildung (Cut off) bei 87% für die *C. jejuni*-Stämme bzw. bei 83% für die *C. coli*-Stämme festgelegt. Damit wurden alle Stämme, die untereinander mehr als 87% bzw. 83% Ähnlichkeit aufwiesen, als genetisch eng miteinander verwandt (klonal) angesehen und als ein Cluster bezeichnet.

Insgesamt wurden 21 heterogene *Sma*I DNA-Fragmentmuster (Typ A-U) detektiert (Tab. 36, Tab. 37). Die Genotypisierung der *C. jejuni*-Stämme ergab 15 verschiedene Fingerprintmuster (Typen A-H, M-S), bei den *C. coli*-Stämmen wurden 6 unterschiedliche Fingerprintmuster (Typen I-L, T, U) gebildet (Tab. 36, Tab. 37).

In Bezug auf das Differenzierungspotential der beiden Restriktionsenzyme zeigte sich, daß die klonalen Verwandtschaftsbeziehungen der Stämme bei allen 12 *Sma*I Gruppen durch die Verwendung des zweiten Restriktionsenzym *Kpn*I bestätigt wurden. Identische bzw. nahezu identische *Sma*I Fragmentmuster konnten dabei kongruenten *Kpn*I Fragmentmustern zugeordnet werden (Tab. 36). Nur bei Stämmen der Typen D, F und I ergab sich jeweils ein abweichendes *Kpn*I Fragmentmuster (Tab. 36).

*Sma*I DNA-Fragmentmuster von *C. jejuni*-Stämmen hatten eine Bandenzahl zwischen 5 bis 10 mit Größen von ca. 10 kb bis 600 kb. Bei den *C. coli*-Stämmen lag die Anzahl der Banden zwischen 10 bis 14 mit Größen von ca. 10 kb bis 450 kb (Anhangsabb. 2). Die *Kpn*I DNA-Fragmentmuster von *C. jejuni*-Stämmen hatten 11 bis 17 Banden von ca. 5 kb bis 400 kb Größe, während 12 bis 17 Banden von ca. 5 kb bis 300 kb Größe bei den *C. coli*-Stämmen auftraten (Anhangsabb. 3).

4.1.4.1 Ergebnisse der Clusterbildung und Typenzuordnung aller genotypisierten *C. jejuni*-Stämme aus Mast und Schlachtung



Die Abb. 19 stellt ein Dendrogramm aller isolierten *C. jejuni*-Stämme aus der Mast und Schlachtung dar, welche unter Verwendung des Restriktionsenzym *Sma*I genotypisiert worden waren.






Insgesamt konnten 16 Cluster erkannt werden. Es zeigte sich, daß in einigen Clustern Isolate einer Herde, in anderen Cluster dagegen Isolate verschiedener Herden auftraten. Im **Cluster 1** waren ausschließlich Genotypen A von Isolat

der Herde 3 (Juli) des Mastbetriebes B zusammengefaßt. Der Stamm Nr. 528 wurde aufgrund einer Zusatzbande mit der Größe von ca. 45 kb dem Subtyp A₁ zugeordnet. Das **Cluster 2** enthielt Isolate, deren Fragmentmuster dem Typ B bzw. Subtyp B₁ (Stamm Nr. 452 mit Zusatzbande im Bereich von ca. 48,5 kb) angehörten. Hier traten ausschließlich Stämme des Mastbetriebes A auf, wobei bis auf ein Isolat (Herde 5) alle restlichen Stämme aus der Herde 8 isoliert worden waren. Das **Cluster 3** war durch homogene Fragmentmuster von Stämmen des Genotypes C der Herden 3 und 4 (Juli) des Mastbetriebes B charakterisiert. Die Ähnlichkeit zu Stämmen des Clusters 1, welcher ebenfalls Isolate der Herde 3 enthielt, lag bei 67%. Die **Cluster 4** und **5** beinhalteten jeweils Isolate der Herde 1 (August) des Mästers B, welche den Typ M bzw. Typ N darstellten. **Cluster 6** enthielt ein Isolat aus der Herde 5 des Betriebes A, welches dem Typ O angehörte. Im **Cluster 7** waren sowohl Stämme des Mastbetriebes A (Herde 5) als auch Stämme von Herden des Mästers B (Herde 1, August), deren Fingerprintmuster alle dem Typ D bzw. Subtyp D₁ (Stamm Nr. 421 mit 2 Zusatzbanden mit Fragmentgrößen von ca. 60 kb und 210 kbp) zugeordnet werden konnten. Die Analogie dieser Stämme zu den Isolaten derselben Herden in den Clustern 2, 4, 5 und 6 war mit 45% gering. Das **Cluster 8** war ausschließlich mit Stämmen der Herde 4 (Juli) des Mastbetriebes B belegt, deren kongruenten Fragmentmustern der Genotyp E gemein war. In der Hauptgruppe (**Cluster 9**) war der bei den *C. jejuni*-Isolaten am häufigsten vorkommende Genotyp F vereint. Diese Gruppe enthielt Stämme von beiden Herden des Mastbetriebes A (Nr. 5 und 8) sowie von drei Herden des Mastbetriebes B (Nr. 1, 3 und 4, Juli). Besonders häufig waren die *C. jejuni*-Isolate der Herde 4 (Juli) des Mastbetriebes B vertreten. Die Stämme des Subtypes F₁ (Nr. 484, 485, 487, 488, 491, 495, 502-505, 509-511, 513, 514 und 492) sowie des Subtypes F₂ (Nr. 433) unterschieden sich zu den restlichen Stämmen des Clusters mit einer Bande im Bereich 365 kb bzw. im Bereich 388 kb (Nr. 433). Die Clusterzugehörigkeit dieser Subtypen konnten aufgrund der *KpnI*-Fragmentmuster bestätigt werden. Zwischen Cluster 9 und den Clustern 1, 2, 3, 6, 7 und 8, welche ebenfalls Isolate der Herden 3 und 4 (Juli, Betrieb B) sowie 5 und 8 (Betrieb A) beinhalteten, lag eine Ähnlichkeit von 45% (Cluster 1, 2, 3, 6) bzw. von 50% (Cluster 7 und 8) vor. Das **Cluster 10** enthielt zwei Isolate der Herde 8 des Mästers A. Trotz einer geringen Similarität von nur 43% zu Herden-Isolaten

des Clusters 9 konnten sie aufgrund ihrer *KpnI* Fragmentmuster dem Typ F zugeordnet werden. Im **Cluster 11** war nur ein Stamm des Types P aus der Herde 5 (Betrieb A) vorhanden. Das **Cluster 12** (Typ G) war durch homogene Fragmentmuster von Stämmen der Herde 4 (August) des Mastbetriebes B charakterisiert. **Cluster 13** und **14** enthielten separat geclusterte Einzelstämme der Herden 4 und 3 (Juli) des Mästers B, die den Typen Q und R angehörten. Im **Cluster 15** waren dagegen nur Isolate aus der Herde 3 (Juli) mit identischen DNA-Fragmentmustern (Typ H) gruppiert. Die Similarität zu Stämmen der Cluster 1, 3 und 9, in denen ebenfalls Isolate dieser Herde auftraten, war mit 24% gering. Damit konnte eine klonale Verwandtschaft ausgeschlossen werden. Ein Einzelisolat charakterisierte das **Cluster 16**. Es handelte sich um einen separat geclusterten Stamm (Typ S) aus der Herde 5 des Mästers A.

Anmerkungen zu den Abb. 19 und Abb. 20:

Betrieb A:  =Herde 5 (Juni);  =Herde 8 (Juni);

Betrieb B:  =Herde 1 (Juli);  =Herde 3 (Juli);  =Herde 4 (Juli);  =Herde 1 (August);  =Herde 4 (August); Nr.=Stamm-Nr.; H.=Herdenzuordnung; X_{1,2,3}=Subtypen; C.=Cluster; *=die Stämme Nr. 384 und Nr. 385 konnten aufgrund ihrer *KpnI*-Fragmentmuster dem Genotyp F zugeordnet werden

4.1.4.2 Ergebnisse der Clusterbildung und Typenzuordnung aller genotypisierten *C. coli*-Stämme aus Mast und Schlachtung

In Abb. 20 konnten insgesamt 6 Cluster von *C. coli* PFGE-Genotypen bei einem Similaritätslevel von 83% erkannt werden. Das **Cluster 1** beinhaltete Stämme mit den DNA-Fragmentmustern des Types I, welcher bei den genotypisierten *C. coli*-Isolaten am häufigsten vorkam. In dieser Gruppe waren *C. coli*-Stämme sowohl von der Herde 1 als auch von der Herde 4 (August) des Mastbetriebes B vertreten. Die Isolate Nr. 634 und 615 wurden aufgrund einer Zusatzbande mit Fragmentgrößen von ca. 290 kb bzw. 220 kb den Subtypen I₁ und I₃ zugeordnet. Der Stamm Nr. 635 hatte dagegen eine fehlende Bande im Bereich von 255 kb und unterschied sich darüber hinaus noch durch eine Bande von ca. 290 kb Größe. Aufgrund dieser Bandenunterschiede stellte er den Subtyp I₂ dar. **Cluster 2** enthielt ein Isolat der Herde 1 (August) des Mästers B. Es wurde dem Genotyp T zugeordnet. Zu den Herden-Isolaten des Clusters 1 lag eine relativ große Ähnlichkeit von 78% vor. Im **Cluster 3** waren vor allem Stämme der Herde 8 des Mastbetriebes A vereint, die dem Genotyp J angehörten. Ein Isolat stammte von der Herde 3 (Juli) des Mastbetriebes B. Das **Cluster 4** war durch Stämme des Types K von den Herden 1 und 4 des Mastbetriebes B (Juli) charakterisiert. Der Stamm Nr. 459 besaß eine Zusatzbande im Bereich 195 kb und wurde deshalb dem Subtyp K₁ zugeordnet. Im **Cluster 5** war nur ein Stamm der Herde 8 des Mästers A enthalten. Sein Fingerprintmuster gehörte dem Typ U an. Die Ähnlichkeit zu weiteren Herden-Isolaten des Clusters 3 lag bei 63%. **Cluster 6** zeichnete sich durch das bei den *C. coli*-Stämmen am zweithäufigsten auftretende DNA-Fragmentmuster des Types L aus. Dieses Cluster enthielt Stämme der Herden 5 und 8 des Mastbetriebes A. Vorrangig waren in dieser Gruppe die *C. coli*-Isolate der Herde 5 vertreten. Aufgrund der 3 Zusatzbanden mit den Fragmentgrößen von ca. 180 kb, 170 kb und 140 kb wurde der Stamm Nr. 450 dem Subtyp L₁ zugeordnet. Das Bandenmuster des Isolates Nr. 410 (Subtyp L₂) unterschied sich zu den anderen Mustern durch zwei Zusatzbanden mit den Fragmentgrößen von ca. 290 kb und 145 kb sowie durch eine fehlende Bande im Bereich von 320 kb. Zu den Stämmen der Cluster 3 und 5, welche ebenfalls größtenteils von der Herde 8 stammten, bestand eine Similarität von 26%.

Dise (Dist: 0.50%) (Tol: 1.0%-1.0%) (N=0.0% S=0.0%) [0.0%-100.0%]
PFGE 4,1

PFGE 4,1

Nr.H.Typ

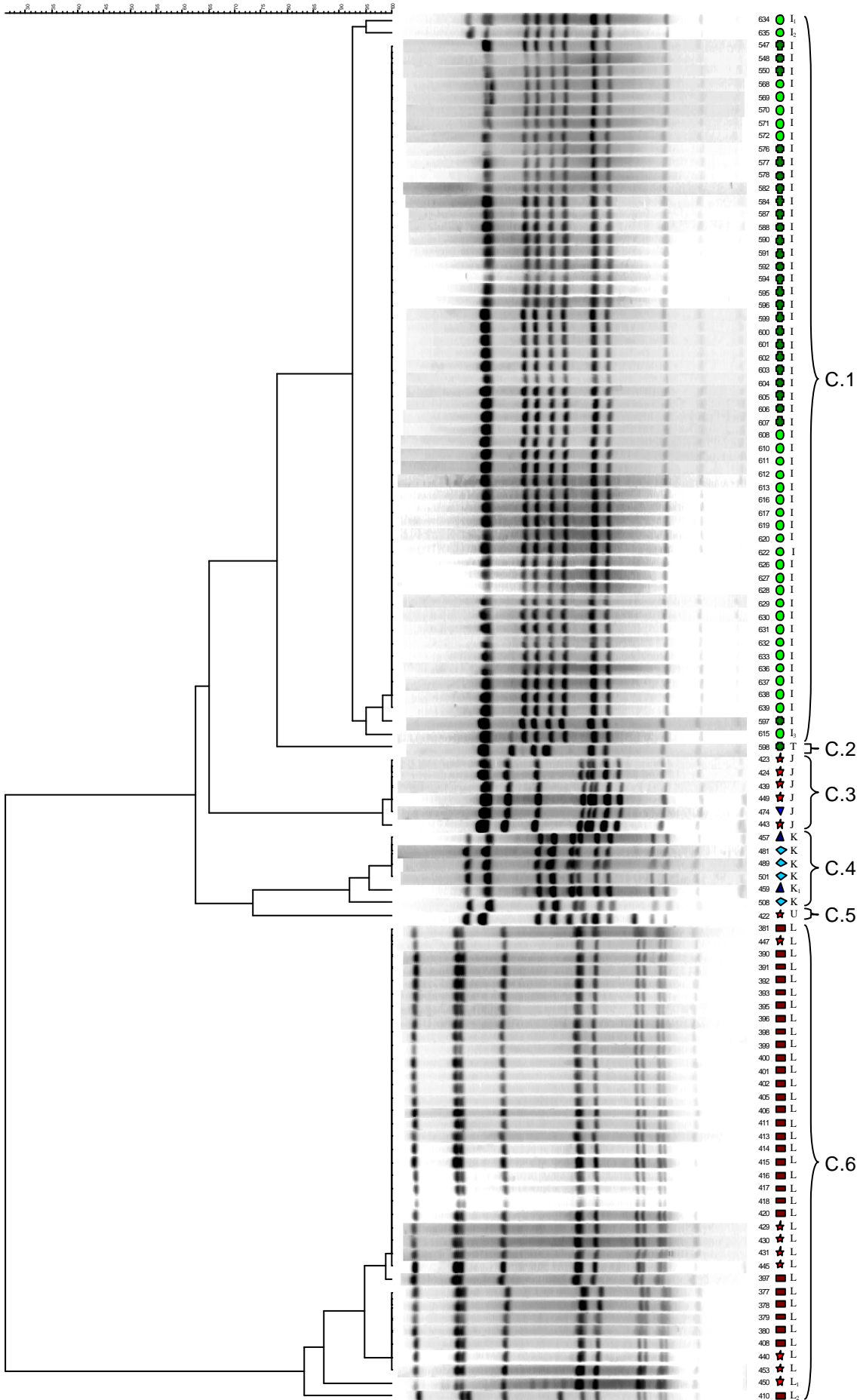

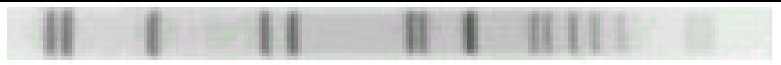





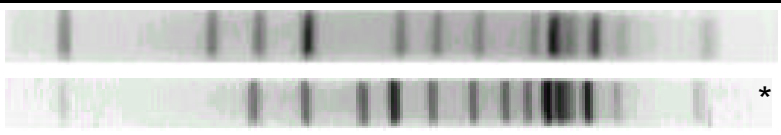
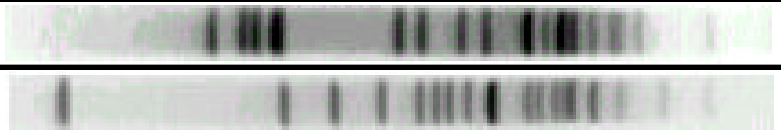
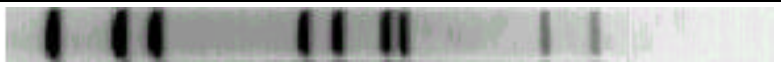

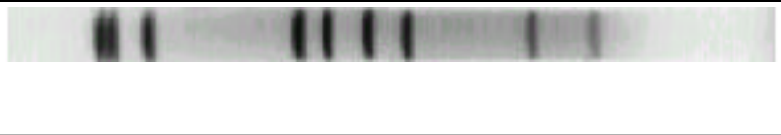

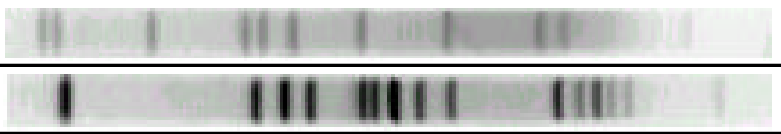
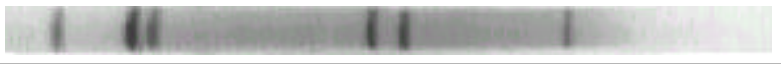

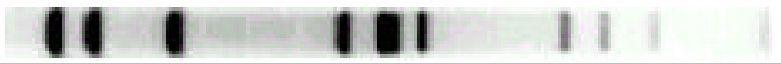
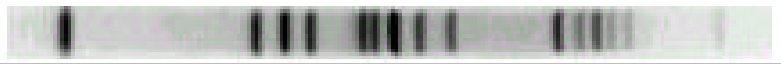
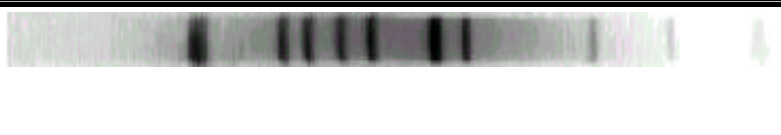

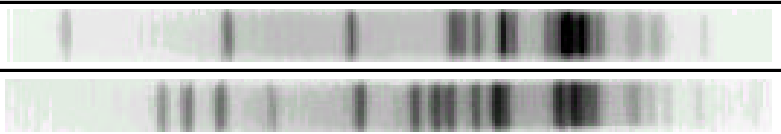
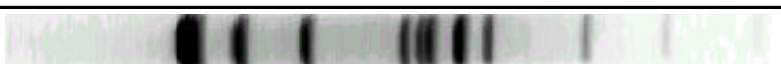
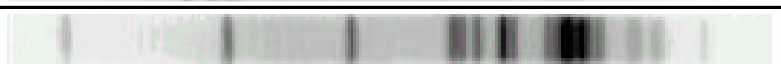
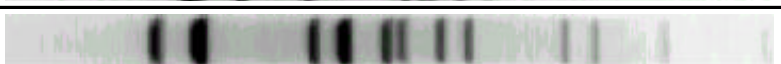
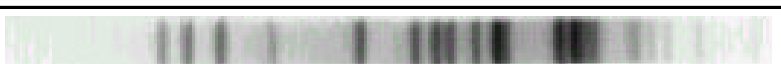
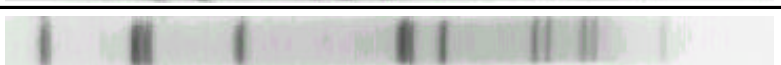





Abb. 20: Dendrogramm aller genotypisierten *C. coli*-Isolate aus Mast/Schlachtung

Tab. 36: *Sma* I- und *Kpn* I-Fragmentmuster von *C. jejuni*- und *C. coli*-Isolaten (A-H und I-L) aus Mast und Schlachtung von Geflügelherden der Mäster A (Juni) und B₁(Juli) bzw. B₂(August)

Typ	<i>Sma</i> I-Fragmentmuster	<i>Kpn</i> I-Fragmentmuster	Betrieb (Isolate n)	
			Mast	Schlachtung
A			B ₁ (4)	B ₁ (8)
B			A(2)	A(11)
C			0	B ₁ (4)
D			B ₂ (2)	B ₂ (7)
		 *	0	A(3)
E			B ₁ (4)	B ₁ (1)
F			A(6), B ₁ (9)	A ₁ (10),B ₁ (26)
		 **	0	B ₁ (16)
G			0	B ₂ (6)
H			0	B ₁ (4)
I			B ₂ (7)	B ₂ (48)
		 ***	B ₂ (1)	0
J			B ₁ (1)	A(5)
K			B ₁ (3)	B ₁ (3)
L			A(5)	A(32)
LL				

*=*Kpn* I-Subtyp D₁; **=*Kpn* I-Subtyp F₁; ***=*Kpn* I-Subtyp I₁; LL= Lambda Ladder (Standard)

Tab. 37: SmaI-Fragmentmuster (PFGE) von *C.jejuni*- und *C.coli*-Isolaten (M-S; T-U) aus Mast und Schlachtung von Geflügelherden der Mäster A (Juni) und B₁ (Juli) bzw. B₂(August)

Typ	SmaI-Fragmentmuster	Betrieb (Isolate n)	
		Mast	Schlachtung
M		0	B ₂ (1)
N		0	B ₂ (1)
O		A (1)	0
P		0	A (1)
Q		0	B ₁ (1)
R		0	B ₁ (1)
S		0	A (1)
T		0	B ₂ (1)
U		0	A (1)
LL			

LL= Lambda Ladder (Standard)

4.1.4.3 Ergebnisse genotypischer Feindifferenzierung der Mast-Isolate von Herden der Betriebe A und B

Insgesamt wurden 45 Mast-Isolate (28 *C. jejuni*- und 17 *C. coli*-Stämme) von 7 Herden der Betriebe A und B genotypisch feindifferenziert.

Über die Feindifferenzierung mit Hilfe der PFGE konnte festgestellt werden, daß die Herden 5 und 8 des Mästers A sowie die Herden 3, 4 (Juli) und 1 (August) des Mästers B mindestens einen herdenspezifischen *Campylobacter*-Stamm aufwiesen, welcher in Kottupferproben von jeweils nur einer Herde detektiert wurde. Insgesamt wurden 10 heterogene DNA-Fragmentmuster von Stämmen aus der Mast erkannt. 6 unterschiedliche Fragmentmuster (Typ A, B, D, E, F, O) konnten dabei den *C. jejuni*-Isolaten und 4 verschiedene Fragmentmuster (Typ I, J, K/Subtyp K₁, L) den *C. coli*-Isolaten zugeordnet werden.

Vergleich aller genotypisierten *C. jejuni*-Isolate aus der Mast

Bei der graphischen Darstellung aller *C. jejuni* PFGE-Genotypen im Dendrogramm wurden bei einem Similaritätslevel von 92% insgesamt 7 Cluster erkannt

(Abb. 21). Die im **Cluster 1** gruppierten Isolate mit homogenen Fragmentmustern des Types A waren durchgängig herdenspezifische Stämme aus der Herde 3 (Juli, Betrieb B). Die Cluster 2 und 5 enthielten Klone, welche aus unterschiedlichen Herden eines Mästers (A oder B) oder beider Mäster (A und B) isoliert worden waren. Das **Cluster 2** war durch klonale *C. jejuni*-Stämme charakterisiert, welche bei der Beprobung im Juli von allen drei Herden des Mästers B (Nr. 1, 3 und 4) isoliert worden waren. Ihnen allen war der Typ F gemein. Darüber hinaus wurde dieser Genotyp auch bei Kot-Isolaten aus Untersuchungen der Herden 5 (**Cluster 5**) und 8 (**Cluster 2** und **Cluster 5**) des regional entfernt gelegenen Mastbetriebes A ermittelt. Im Dendrogramm der Abb. 19 sind alle Stämme des Clusters 2 sowie die Stämme Nr. 375, Nr. 382 und Nr. 383 des Clusters 5 in einem Cluster (Cluster 9) vereint. Aufgrund der Neuberechnung bei der Zusammenstellung aller Mast-Isolate (Abb. 21) kam es zu einer zusätzlichen Clusterbildung, was eine Aufspaltung dieses Clusters 9 in zwei einzelne (Cluster 2 und 5) bedeutete. Anhand der *KpnI*-Fragmentmuster konnte die Zugehörigkeit aller Stämme (inklusive Stämme Nr. 384 und Nr. 385) zu einem gemeinsamen Cluster bestätigt werden (Tab. 36). Die Analogie dieser Stämme (speziell Nr. 468 und Nr. 471) zu den herdenspezifischen Stämmen der Herde 3 des Clusters 1 lag bei 59%. Im **Cluster 3** waren kongruente Fragmentmuster des Types D von spezifischen Stämmen aus der Herde 1 (August, Betrieb B) vertreten. Das **Cluster 4** enthielt herdenspezifische Stämme der Herde 4 (Juli) des Mastbetriebes B, deren homogene Fragmentmuster den Typ E darstellten. Zu den Isolaten Nr. 475 und Nr. 480 der gleichen Herde im Cluster 2 bestand eine Ähnlichkeit von 52%. **Cluster 6** gruppierte identische Fingerprintmuster des Types B von herdenspezifischen Stämmen der Herde 8 des Mästers A. Zwischen den Stämmen dieses Clusters und weiteren Isolaten der Herde 8 in den Clustern 2 und 5 war eine geringe Similarität von 38% vorhanden. **Cluster 7** enthielt einen Stamm des Genotypes O aus der Herde 5 des Mastbetriebes A, welcher als herdenspezifisch betrachtet werden kann. Zu den Stämmen der Herde 8 (Cluster 6), welche ebenfalls im Juni beim gleichen Mäster isoliert worden waren, bestand eine relativ große Ähnlichkeit von 76%. Damit läßt sich eine klonale Verwandtschaft vermuten.

Dice (Opt:0.50%) (Tol:1.0%-1.0%) (H>0.0% S>0.0%) [0.0%-100.0%]
PFGE 4,1

PFGE 4,1

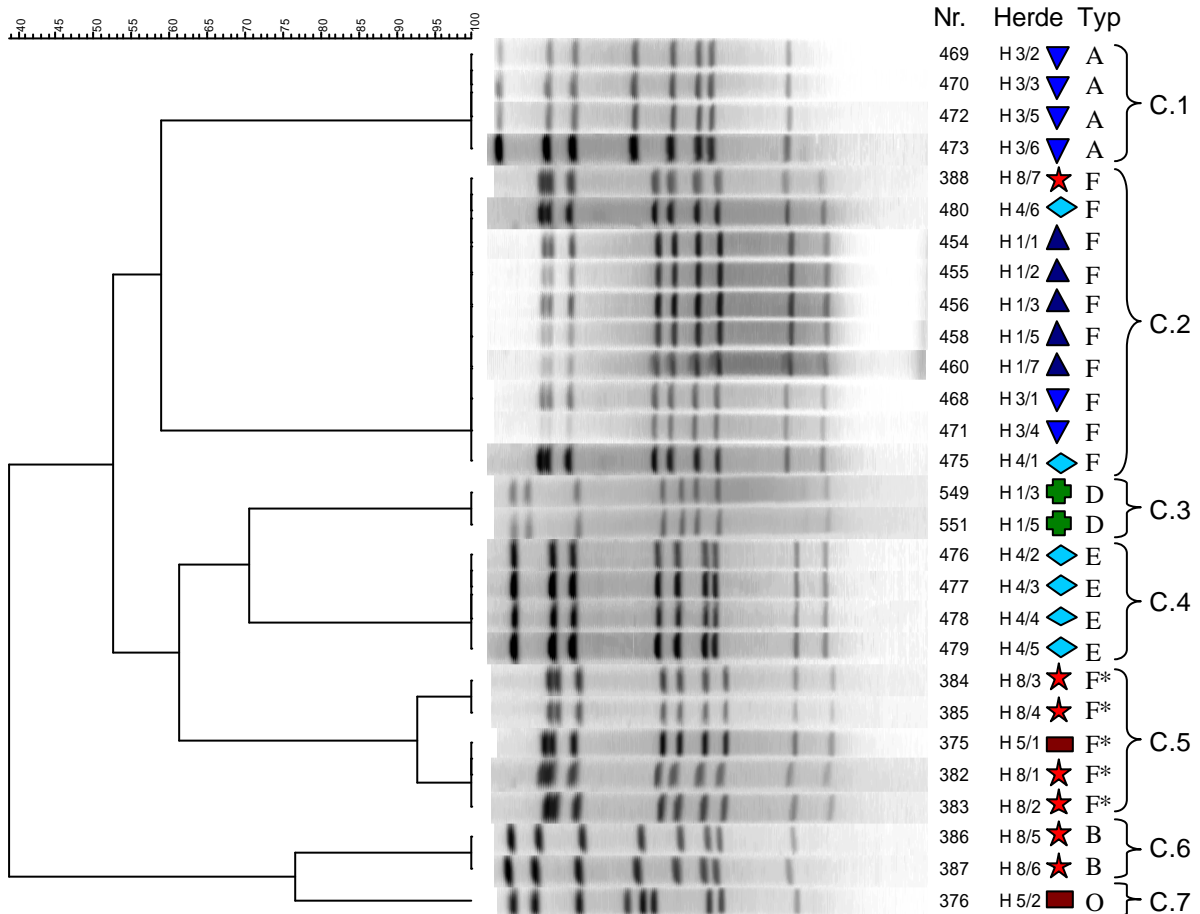


Abb. 21: Dendrogramm aller *C. jejuni*-Mast-Isolate von Herden der Betriebe A und B

Anmerkungen zur Abb. 21:

Betrieb A: ■ =Herde 5 (Juni); ★ =Herde 8 (Juni);

Betrieb B: ▲ =Herde 1 (Juli); ▼ =Herde 3 (Juli); ◊ =Herde 4 (Juli); ■ =Herde 1 (August); Nr.=Stamm-Nr.; C.=Cluster; *=die Stämme des Clusters 5 konnten aufgrund ihrer *KpnI*-Fragmentmuster dem Genotyp F zugeordnet werden

Vergleich aller genotypisierten *C. coli*-Isolate aus der Mast

Die bei einem Similaritätslevel von 92% geclusterterten *C. coli* PFGE-Genotypen ergaben die Bildung von 4 Gruppen (Abb. 22). In den Clustern 1 und 2 waren jeweils klonale Stämme unterschiedlicher Herden des Mastbetriebes B gruppiert. Das **Cluster 1** beinhaltete Stämme der Herden 1 und 4 (Juli) des Mastbetriebes B, deren Fingerprintmuster dem Typ K bzw. Subtyp K₁ zugeordnet wurden. Im **Cluster 2** waren die Stämme der Herden 1 und 4

(August) des Mastbetriebes B vereint. Ihr kongruentes DNA-Fragmentmuster gehörte dem Typ I an. Zu den im vorangegangenen Monat Juli isolierten *C. coli*-Stämmen aus Herden der gleichen Ställe (1 und 4, Cluster 1) lag eine Analogie von 68% vor. Im **Cluster 3** war nur ein Isolat der Herde 3 (Juli) des Mästers B enthalten, welches dem Typ J angehörte. Es kann als spezifisch für diese Herde betrachtet werden. Zu den Isolaten der Herden 1 und 4 im Cluster 1, welche ebenfalls bei der Beprobung des Mastbetriebes B im Juli gewonnen worden waren, bestand eine Ähnlichkeit von 66%. Das **Cluster 4** enthielt Stämme mit Mustern des Types L, welche ausschließlich aus der Herde 5 (Juni) isoliert wurden und daher für diese als spezifisch angesehen werden können.

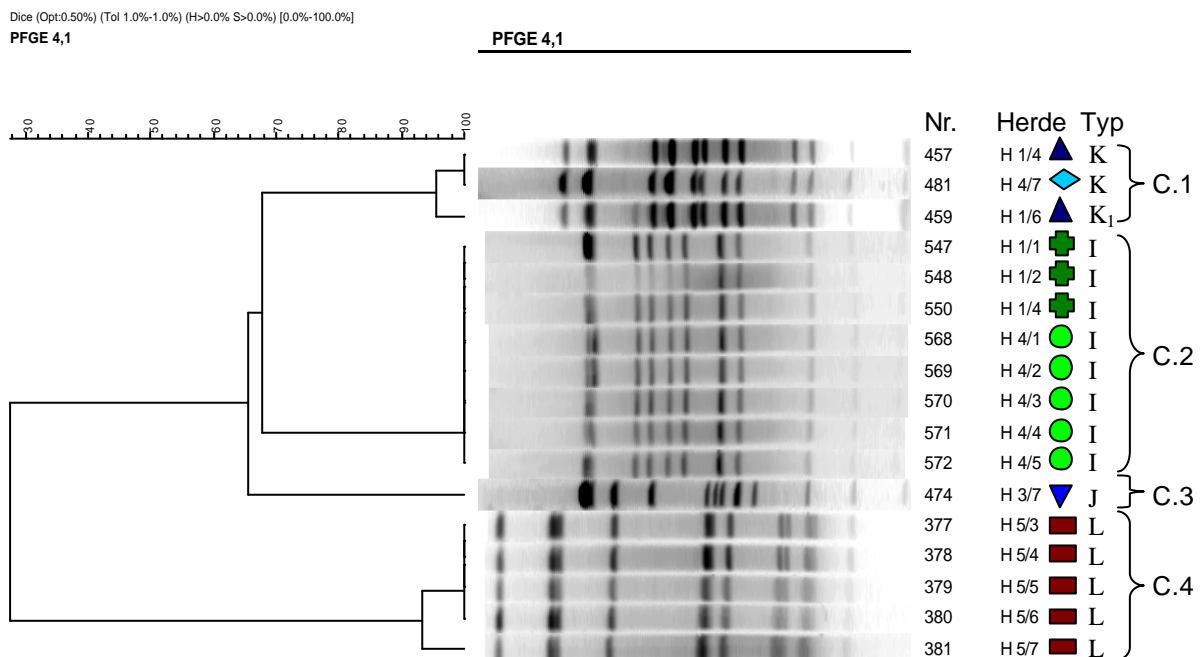


Abb. 22: Dendrogramm aller *C. coli*-Mast-Isolate von Herden der Betriebe A und B

Anmerkungen zu der Abb. 22:

Betrieb A: ■=Herde 5 (Juni); Betrieb B: ▲=Herde 1 (Juli); ▼=Herde 3 (Juli); ◆ = Herde 4 (Juli); ■=Herde 1 (August); ●=Herde 4 (August); Nr.=Stamm-Nr.; H=Herde; C.=Cluster; K₁=Subtyp vom Typ K

4.1.4.3.1 Verteilung einzelner Klone in der Mast

In den Tab. 38 und 39 sind die Genotypen-Vielfalt bzw. das Auftreten einzelner Klone von isolierten *C. jejuni*- und *C. coli*-Stämmen in den Geflügelherden der Mäster A und B dokumentiert. Bei der Beurteilung der Verteilung von Klonen (Tab. 39) wurden die Subtypen aufgrund ihrer Clusterzugehörigkeit den entsprechenden Genotypen zugeordnet.

9 Klone (Typ A, B, D, E, O, I, J, K/Subtyp K₁, L) waren jeweils beschränkt auf Herden der einzelnen Mäster. Ein persistierender Klon (Typ F) wurde sowohl bei Herden des Mastbetriebes A als auch bei Herden des Mastbetriebes B vorgefunden. Dieser Genotyp war in 33% der Isolate zu finden und konnte auch als einziger bei beiden Herden des Mastbetriebes A isoliert werden. Innerhalb des Mastbetriebes B konnten 3 Klone (Typ F, Typ I und K) in unterschiedlichen Herden identifiziert werden.

Im Betrieb A wurden 3 Klone (Typ B, O, L) und im Mastbetrieb B 4 Klone (Typ A, D, E, J) jeweils nur in einzelnen Herden detektiert. Vermutlich traten sowohl herdenspezifische als auch herdenunspezifische Klone in den Herden auf.

Bei den Herden 1 und 4 (Betrieb B), welche in direkt aufeinanderfolgenden Mastperioden (Juli und August) untersucht wurden, konnten keine persistierenden Klone nachgewiesen werden.

Im Schnitt wurden pro Herde zwischen 1 und 3 Klone detektiert. Bei den *C. jejuni*-Stämmen gab es eine größere klonale Vielfalt.

Tab. 38: Sma I PFGE-Genotypen von *Campylobacter*-Isolaten aus Kottupfern von Herden der Mastbetriebe A und B

Monat, Betrieb	Sma I PFGE-Genotyp													
	Juni 02, A				Juli 02, B				Aug 02, B					
	5	8	1	3	4	1	4	1	4					
Herden-Nr.														
<i>C.</i> -Spezies	<i>j.</i>	<i>c.</i>	<i>j.</i>	<i>j.</i>	<i>c.</i>	<i>j.</i>	<i>c.</i>	<i>j.</i>	<i>c.</i>	<i>j.</i>	<i>c.</i>	<i>j.</i>	<i>c.</i>	
Kottupfer 1	F		F	F	F	F	F		I		I			
Kottupfer 2	O		F	F	A	E			I		I			
Kottupfer 3		L	F	F	A	E		D			I			
Kottupfer 4		L	F		K	F	E		I		I			
Kottupfer 5		L	B	F		A	E		D		I			
Kottupfer 6		L	B		K ₁	A	F		k.T.	k.T.	k.T.	k.T.		
Kottupfer 7		L	F	F		J	K		k.T.	k.T.	k.T.	k.T.		

C. = *Campylobacter*; *j.* = *Campylobacter jejuni*; *c.* = *Campylobacter coli*; K₁ = Subtyp vom Typ K; k.T. = keine Typisierung von Stämmen

Tab. 39: Vorkommen von Klonen in Herden der Betriebe A und B

		Anzahl <i>Campylobacter</i> -Stämme mit Genotyp						
Monat	Juni		Juli		August			
Mäster Herde (Nr.)	A		B		B		Summe	
<i>C. jejuni</i>	Typ A			4			4	
	Typ B		2				2	
	Typ D					2	2	
	Typ E				4		4	
	Typ F	1	5	5	2	2	15	
	Typ O	1					1	
	Typ I					3	5	8
<i>C. coli</i>	Typ J			1			1	
	Typ K			2		1	3	
	Typ L	5					5	

4.1.4.4 Ergebnisse gentotypischer Feindifferenzierung der Schlacht-Isolate von Herden der Betriebe A und B

Insgesamt wurden 192 Isolate (102 *C. jejuni*- und 90 *C. coli*-Stämme) aus der Schlachtung von Herden der Betriebe A und B genotypisch feindifferenziert.

Vergleich aller genotypisierten *C. jejuni*-Isolate aus der Schlachtung

Das Clustern der *C. jejuni* PFGE-Genotypen ergab die Bildung von 14 Gruppen bei einem Similaritätslevel von 88% (Abb. 23). In den Clustern 1, 3, 4 und 7 waren klonale Stämme aus der Schlachtung von unterschiedlichen Herden eines Betriebes oder beider Betriebe vertreten. Stämme des **Clusters 1**, deren Fingerprintmuster den Typ D bzw. Subtyp D₁ darstellten, konnten bei der Herde 5 des Mastbetriebes A vor und während der Schlachtung isoliert werden. *C. jejuni*-Isolate mit kongruenten Fragmentmustern fanden sich ebenfalls bei der Beprobung der Herde 1 (August) des Mastbetriebes B im Verlauf der Schlachtung wieder. **Cluster 2** und **Cluster 11** enthielten ausschließlich Stämme aus der Schlachtung der Herde 4 (Juli, Betrieb B), welche dem Typ E bzw. dem Typ Q angehörten. Sie wurden während bzw. vor der Schlachtung gewonnen. Zwischen Stämmen der Cluster 2 und 1 bestand eine relativ große Ähnlichkeit von 69%. Stämme des Types F bzw. Subtypes F₁/F₂ (**Cluster 3**)

wurden bei beiden Herden (Nr. 5 und 8) des Mastbetriebes A und bei zwei Herden (Nr. 3 und 4, Juli) des Mastbetriebes B in der Schlachtkette isoliert. Aufgrund seines *KpnI*-Fragmentmusters wurde das Isolat Nr. 546 ebenfalls dem Typ F und damit dem Cluster 3 zugeordnet. Darüber hinaus lag mit 81% eine große Ähnlichkeit dieses Stammes zu den anderen Stämmen des Clusters 3 vor. Zwischen Stämmen der Herde 5 in den Clustern 3 und 1 bzw. Stämmen der Herde 4 (Juli, Betrieb B) in den Clustern 3 und 2 bestand eine geringe Ähnlichkeit von 47%. Das **Cluster 4** enthielt *C. jejuni*-Isolate des Types B bzw. Subtypes B₁ aus den Herden 5 und 8 des Mastbetriebes A. Die Analogie zu den anderen Herden-Isolaten in den Clustern 1 und 3 war mit 45% gering. In den **Clustern 5, 12 und 13** waren separat geclusterte Stämme der Herde 3 (Juli) des Mästers B enthalten, die in der Schlachtung isoliert worden waren. Sie konnten dem Typ A bzw. Subtyp A₁, dem Typ R sowie dem Typ H zugeordnet werden. Die Ähnlichkeit zwischen Herden-Isolaten der Cluster 5 und 3 war mit 45% gering. Noch geringer war die Analogie von Isolaten der Cluster 12 und 13 mit 41% bzw. 23% zu anderen Isolaten der Herde 3 in den Clustern 7, 5 und 3. In den **Clustern 6 und 8** waren Einzelstämme aus der Beprobung der Herde 1 (August, Betrieb B) gruppiert. Sie charakterisierten den Typ M bzw. Typ N. Die Analogie zwischen den Clustern 6 und 5 war mit 68% relativ hoch. Dagegen war die Ähnlichkeit zu anderen Isolaten der Herde 1 im Cluster 1 mit 45% gering. Die identischen Fragmentmuster (Typ C) des **Clusters 7** konnten sowohl bei einem Isolat der Herde 4 (Juli) als auch bei Isolaten der Herde 3 (Juli) aus der Schlachtung detektiert werden. Zu den anderen Isolaten der Cluster 5, 3 und 2 aus diesen Herden lagen Ähnlichkeiten von 66% bzw. 45% vor. Die **Cluster 9 und 14** enthielten separat geclusterte Einzelisolate, welche vor Schlachtbeginn der Herde 5 (Betrieb A) aus Prozeßwässern gewonnen worden waren. Ihre Fingerprintmuster stellten den Typ P bzw. Typ S dar. Das **Cluster 10** war durch identische Fragmentmuster des Types G von Schlacht-Isolaten der Herde 4 (August) des Mästers B charakterisiert.

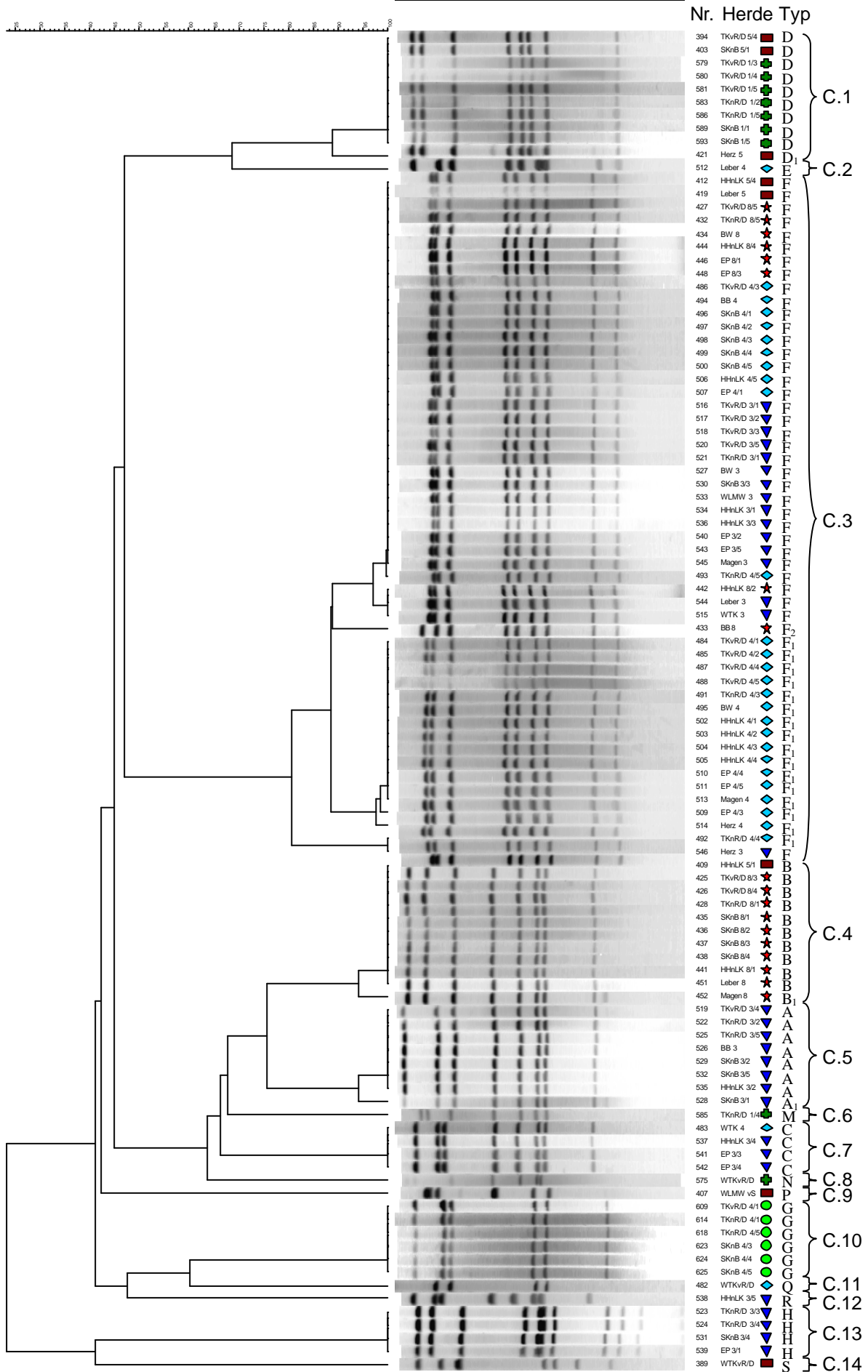


Abb. 23: Dendrogramm aller genotypisierten *C. jejuni*-Stämme aus der Schlachtung von Herden der Mäster A und B

Anmerkungen zu den Abb. 23 und Abb. 24:

Betrieb A: ■=Herde 5 (Juni), ★=Herde 8 (Juni); Betrieb B: ▲=Herde 1 (Juli), ▼=Herde 3 (Juli); ◆=Herde 4 (Juli), ⊕=Herde 1 (August), ●=Herde 4 (August); Nr.=Stamm-Nr.; X_{1,2,3}=Subtypen; C.=Cluster; BB=Betäubungsbad; BW=Brühwasser; EP=Endprodukt; HHnLK=Halshaut nach Luftkühlung; SKnB=Schlaktkörper nach Brühen; TKv/nR/D=Transportkiste vor/nach Reinigung/Desinfektion; WLMW=Wasser aus der Leber-Magen-Wanne nach Durchlauf der Herde; WLMWvS=Wasser aus der Leber-Magen-Wanne vor Schlachtung; WTK=Waschwasser Transportkisten nach Durchlauf der Herde; WTKvR/D=Waschwasser Transportkisten vor Reinigung/Desinfektion

Vergleich aller genotypisierten *C. coli*-Isolate aus der Schlachtung

Im Dendrogramm der Abb. 24 konnte die Bildung von 6 Clustern bei einem Similaritätslevel von 82% erkannt werden. Die Hauptgruppen 1 und 6 enthielten jeweils klonale Stämme von unterschiedlichen Herden des Betriebes B bzw. A. Im größten **Cluster 1** waren Stämme des Types I bzw. Subtypes I₁/I₂/I₃ der Herden 1 und 4 (August) des Mastbetriebes B vertreten, welche vor, während und nach Schlachtung beider Herden isoliert werden konnten. Ein separat geclustertes Isolat der Herde 1 (August) des Mästers B, welches während der Schlachtung isoliert worden war, charakterisierte das **Cluster 2**. Es wurde dem Typ T zugeordnet, hatte aber eine große Ähnlichkeit von 78% zu den anderen Herden-Isolaten des Clusters 1. Die nahezu identischen DNA-Fragmentmuster der Stämme des **Clusters 3** stellten den Typ J dar. Sie waren alle aus der Herde 8 (Betrieb A) vor, während und nach der Schlachtung isoliert worden. Das **Cluster 4** beinhaltete ausschließlich Isolate aus der Herde 4 (Juli) des Mastbetriebes B. Das Fingerprintmuster dieser Stämme wurde dem Typ K zugeordnet. Ein Isolat, das aus der Schlachtkette bei Beprobungen der Herde 8 (Betrieb A) isoliert worden war, bildete das **Cluster 5**. Sein Fingerprintmuster charakterisierte den Typ U. Die Analogie dieses Isolates zu den Stämmen des Clusters 3 war mit 60% relativ hoch. Dem **Cluster 6** wurden *C. coli*-Isolate des Genotypes L bzw. Subtypes L₁/L₂ aus der Schlachtung der Herden 5 und 8 des Mastbetriebes A zugeordnet. Die Ähnlichkeit zwischen Stämmen der Herde 8 des Clusters 6 und den Stämmen des Clusters 3 betrug nur 26%.

Die Tab. 40 gibt eine Übersicht über alle *Smal*-Genotypen von *Campylobacter*-Isolaten aus der Schlachtung von Herden der Mastbetriebe A und B.

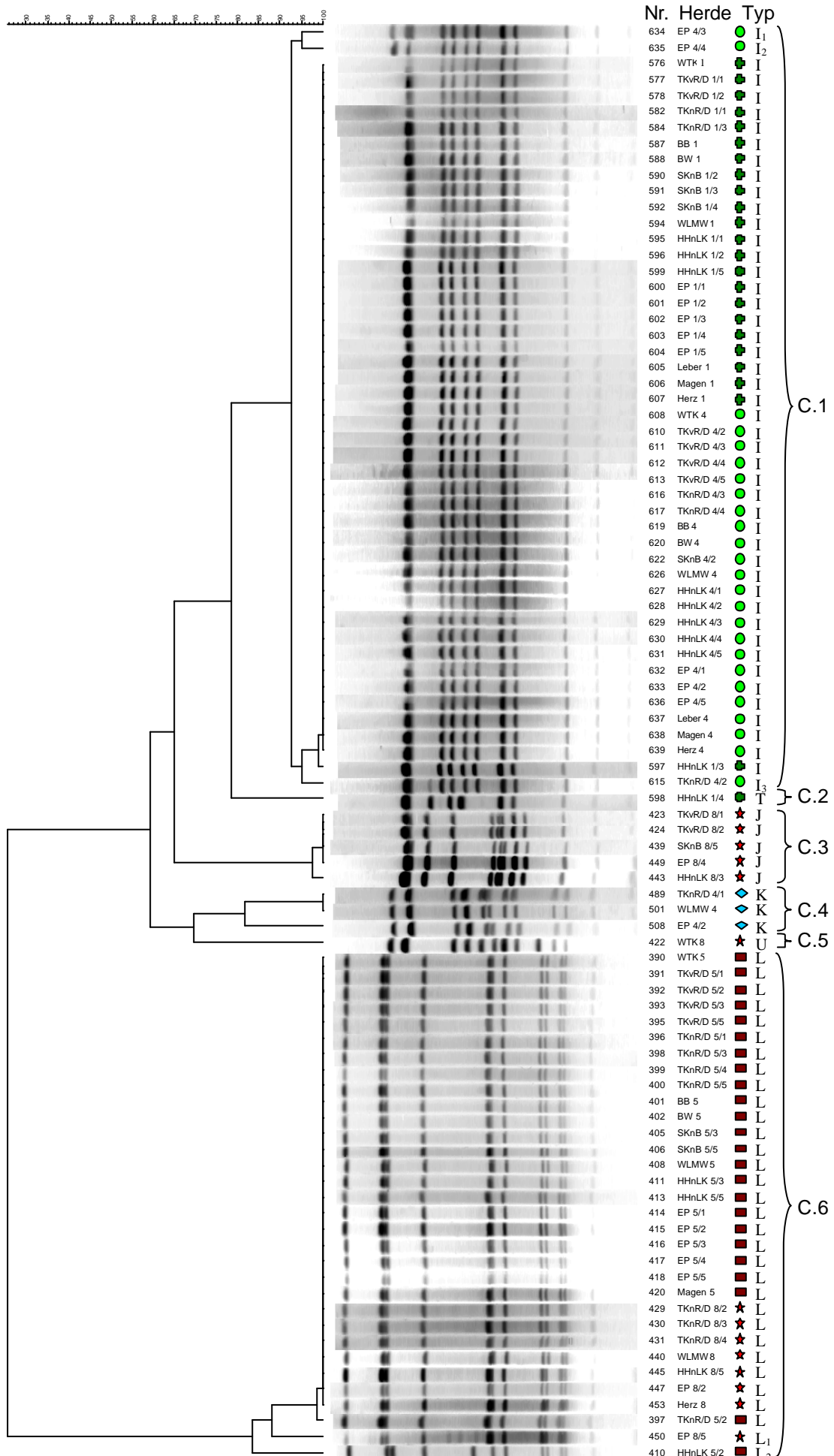


Abb. 24: Dendrogramm aller genotypisierten *C. coli*-Stämme aus der Schlachtung von Herden der Mäster A und B

Tab. 40: Sma I-Genotypen von *Campylobacter*-Isolaten von Herden der Mäster A, B an den einzelnen Schlachtstationen

Proben (Anzahl genotypisiert)		Sma I-Genotyp (Anzahl Stämme mit Genotyp)											
Monat, Mastbetrieb		Juni 02, Mastbetrieb A				Juli 02, Mastbetrieb B				Aug 02, Mastbetrieb B			
Herden-Nr. (2 Herden/Schlachttag)		5		8		4		3		1		4	
Spezies		<i>C. jejuni</i> <i>C. coli</i>		<i>C. jejuni</i> <i>C. coli</i>		<i>C. jejuni</i> <i>C. coli</i>		<i>C. jejuni</i> <i>C. coli</i>		<i>C. jejuni</i> <i>C. coli</i>		<i>C. jejuni</i> <i>C. coli</i>	
vor Schlachtung	Transportkisten vor Reinigung/Desinfektion (5)	D(1)	L(4)	F(1), B(2)	J(2)	F(1), F*(4)	-	F(4), A(1)	-	D(3)	I(2)	G(1)	I(4)
	Transportkisten nach Reinigung/Desinfektion (5)	-	L(5)	F(1), B(1)	L(3)	F(1**), F*(2**)	K(1**)	F(1), A(2), H(2)	-	D(2), M(1)	I(2)	G(2)	I(2), I*(1)
	Transportkistenwaschwasser (1)	S(1)	-	k.P.	k.P.	Q(1)	-	k.P.	k.P.	N(1)	-	k.P.	k.P.
	Betäubungsbad (1)	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.
	Brühwasser (1)	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.
	Wasser Leber-Magen-Wanne (1)	P(1)	-	k.P.	k.P.	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.
Schlachtung	Tierkörper nach Brühen (5)	D(1**)	L(2**)	B(4)	J(1)	F(5)	-	F(1), A(2), A*(1), H(1)	-	D(2)	I(3)	G(3**)	I(1**)
	Leber (1)	F(1)	-	B(1)	-	E(1)	-	F(1)	-	-	I(1)	-	I(1)
	Magen (1)	-	L(1)	B*(1)	-	F*(1)	-	F(1)	-	-	I(1)	-	I(1)
	Herz (1)	D*(1)	-	-	L(1)	F*(1)	-	F(1)	-	-	I(1)	-	I(1)
	Tierkörper nach Luftkühlung (5)	F(1), B(1)	L(2), I*(1)	F(2), B(1)	L(1), J(1)	F(1), F*(4)	-	F(2), A(1), C(1), R(1)	-	-	I(4), T(1)	-	I(5)
	Endprodukt (Schlachtkörper) (5)	-	L(5)	F(2)	L(1), L*(1), J(1)	F(1), F*(3)	K(1)	F(2), C(2), H(1)	-	-	I(5)	-	I(3), I*(2)
nach Schlachtung	Transportkistenwaschwasser (1)	-	L(1)	-	U(1)	C(1)	-	F(1)	-	-	I(1)	-	I(1)
	Betäubungsbad (1)	-	L(1)	F*(1)	-	F(1)	-	A(1)	-	-	I(1)	-	I(1)
	Brühwasser (1)	-	L(1)	F(1)	-	F*(1)	-	F(1)	-	-	I(1)	-	I(1)
	Wasser Leber-Magen-Wanne (1)	-	L(1)	-	L(1)	-	K(1)	F(1)	-	-	I(1)	-	I(1)

C. = *Campylobacter*; k.P.= keine Probenahme; *= Subtyp; **= nicht alle Stämme aus der Stammhaltung konnten aktiviert und typisiert werden

4.1.4.4.1 Verteilung einzelner Klone in der Schlachtung

In der Schlachtung dominierte ebenso wie in der Mast ein Klon (Typ F), der bei 27% der Isolate zu finden war. Zusammen mit dem Typ D gehörte er auch zu den Klonen, welche sowohl bei den Herden des Mästers A als auch bei Herden des Mästers B in der Schlachtung isoliert werden konnten (Tab. 41). Mit 25% trat ein Klon (Typ I) von *C. coli*-Stämmen am zweithäufigsten in Erscheinung. Dieser wurde in der Schlachtung ebenso wie die Typen B, C, F von *C. jejuni*-Stämmen sowie die Typen L von *C. coli*-Stämmen bei jeweils zwei direkt aufeinander folgenden Herden isoliert. 10 Klone (Typ A, E, G, H, M, R, J, K, T, U) wurden dagegen während der Schlachtung nur bei einzelnen Herden der Betriebe A und B vorgefunden. Pro Herde wurden zwischen 2 und 5 Klone in der Schlachtung isoliert (Klone, welche vor Schlachtbeginn isoliert wurden, nicht inbegriffen). Bei den *C. jejuni*-Stämmen trat eine größere klonale Vielfalt auf. Bei der Auswertung des Auftretens einzelner Klone (Tab. 41) wurden Subtypen nach Clusterzugehörigkeit den entsprechenden Typen zugeordnet.

Tab. 41: Vorkommen von Klonen bei Herden der Betriebe A und B in der Schlachtung

		Anzahl <i>Campylobacter</i> -Stämme mit Genotyp					
Monat	Juni		Juli		August		Summe
Mäster	A		B		B		
Herde (Nr.)	5	8	3	4	1	4	
<i>C. jejuni</i>	Typ A			8			8
	Typ B	1	10				11
	Typ C			3	1		4
	Typ D	3				7	10
	Typ E				1		1
	Typ F	2	8	16	26		52
	Typ G						6
	Typ H			4			4
	Typ M					1	1
	Typ N*					1	1
	Typ P*	1					1
	Typ Q*				1		1
	Typ R			1			1
	Typ S*	1					1
<i>C. coli</i>	Typ I				23	25	48
	Typ J		5				5
	Typ K				3		3
	Typ L	24	8				32
	Typ T					1	1
	Typ U		1				1

*= Genotypen von Prozeßwasser-Isolaten, die vor Schlachtbeginn gewonnen wurden

4.1.4.5 Ergebnisse der Verfolgsuntersuchung bei Herden-Isolaten des Mastbetriebes A

Die Tab. 42 zeigt eine Übersicht über das Vorkommen von *Smal*-Genotypen in der Mast und an den einzelnen Stationen in der Schlachtung bei den Herden Nr. 5 und 8 des Mästers A. Subtypen wurden aufgrund ihrer Clusterzugehörigkeit den entsprechenden Genotypen zugeordnet. Insgesamt wurden jeweils 7 Mast-Isolate sowie 64 Schlacht-Isolate für Verfolgsuntersuchungen genotypisch feindifferenziert. Die 78 Stämme setzten sich aus 35 *C. jejuni*- und 43 *C. coli*-Stämmen zusammen. Bei beiden Herden wurden neben einer relativ großen Stammdiversität auch identische Genotypen sowohl in der Mast als auch in der anschließenden Schlachtung detektiert. Neben den herdenspezifischen, aus Kottupferproben isolierten Stämmen, trat im Verlauf der Schlachtung mindestens ein zusätzlicher *Campylobacter*-Stamm auf. 2 Isolate, welche bei der Herde 5 vom Tierkörper nach dem Brühen gewonnen worden waren, konnten nicht aktiviert und typisiert werden.

Verfolgsuntersuchungen von *C. jejuni*-Stämmen in der Mast und Schlachtung

C. jejuni-Stämme mit dem Genotyp F konnten am häufigsten isoliert werden. Sie wurden bei der Herde 5 zunächst in der Mast und anschließend in der Schlachtung bei Lebern und einem Tierkörper nach Luftkühlung detektiert. Bei der im direkten Anschluß geschlachteten Herde 8 traten Stämme mit identischen Fingerprintmustern gehäuft in der Mast und Schlachtung auf. Sie konnten in der Mast aus Kottupfern und in der Schlachtung von Transportkisten vor und nach Reinigung/Desinfektion, von Tierkörpern nach Luftkühlung sowie von Endprodukten isoliert werden. Betäubungsbad und Brühwasser waren ebenfalls nach Durchlauf der Herde 8 mit Stämmen vom Genotyp F kontaminiert. Am zweithäufigsten trat der Genotyp B in Erscheinung. Er konnte bei der Herde 5 nur von einem Tierkörper nach Luftkühlung isoliert werden. Bei der Herde 8 trat er dagegen massiv auf und wurde bereits in der Mast als herdenspezifischer Keim erfaßt. In der Schlachtung waren Transportkisten vor und nach Reinigung/Desinfektion, Tierkörper nach dem Brühen und nach der Luftkühlung sowie Lebern und Mägen mit *C. jejuni*-Stämmen dieses Genotypes kontaminiert. Stämme mit dem Genotyp D wurden nur bei der Herde 5 an Stationen in der Schlachtung identifiziert. Sie wurden bereits von einer

Transportkiste vor Reinigung/Desinfektion isoliert und traten dann bei kontaminierten Tierkörpern nach dem Brühen sowie bei Herzen in Erscheinung. Der Genotyp O, welcher nur bei einem Kottupfer-Isolat der Herde 5 detektiert wurde, konnte in der Schlachtung nicht mehr isoliert werden. Vor Schlachtbeginn wurde ein Stamm des Genotypes S aus Transportkistenwaschwasser sowie ein Stamm des Genotypes P aus dem Wasser der Leber-Magen-Wanne isoliert. An keiner weiteren Station in der Schlachtkette wurden Stämme mit diesen Genotypen vorgefunden.

Zusammenfassend konnte festgestellt werden, daß bei der Herde 8 Stämme mit dem herdenspezifischen Genotyp B sowohl in der Mast als auch in der Schlachtung an vielen Stationen isoliert werden konnten. Der Genotyp F trat bei beiden Herden gehäuft auf. Bei der Herde 5 kamen während der Schlachtung 2 neue Typen (D, B) hinzu (Prozeßwässer vor Schlachtbeginn ausgenommen).

Verfolgsuntersuchungen von *C. coli*-Stämmen in der Mast und Schlachtung

Der Genotyp L dominierte sowohl bei den isolierten *C. coli*-Stämmen der Herde 5 als auch bei den *C. coli*-Isolaten der Herde 8. Er wurde in der Mast bei den meisten Kottupfer-Isolaten aus der Herde 5 identifiziert und als herdenspezifisch eingestuft. In der Schlachtung konnten Stämme mit dem Genotyp L von Transportkisten vor und nach Reinigung/Desinfektion, von Tierkörpern nach dem Brühen und nach der Luftkühlung sowie von Mägen und Endprodukten isoliert werden. Auch sämtliche beprobten Prozeßwässer (Transportkistenwaschwasser, Betäubungsbad, Brühwasser, Wasser aus der Leber-Magen-Wanne) waren nach Durchlauf der Herde 5 kontaminiert. In der Herde 8 konnte der Typ L bei Isolaten von Transportkisten nach Reinigung/Desinfektion, von Tierkörpern nach der Luftkühlung sowie von Herzen und Endprodukten detektiert werden. Das Wasser aus der Leber-Magen-Wanne war ebenfalls nach Durchlauf der Herde 8 mit klonalen Stämmen kontaminiert. Der Genotyp J trat ausschließlich bei der Herde 8 in der Schlachtung auf. Dort wurden Stämme dieses Types bereits von Transportkisten vor Reinigung/Desinfektion isoliert und an weiteren Stationen in der Schlachtkette, d. h. auf Tierkörpern nach dem Brühen und nach der Luftkühlung und auf Endprodukten wiedergefunden. Ein Isolat des Types U wurde bei der Herde 8 im Transportkistenwaschwasser nach Durchlauf der Herde identifiziert.

Es zeigte sich, daß der bei der Herde 5 für herdenspezifisch befundene Genotyp L zunächst als einziger Typ an Schlachtstationen dieser Herde auftrat und ebenso in der anschließenden Schlachtung der Herde 8 dominierte. Nur bei der Herde 8 konnte während der Schlachtung ein zusätzlicher Typ (J) isoliert werden.

Tab. 42: Vorkommen von *SmaI*-Genotypen in der Mast und an einzelnen Stationen in der Schlachtung bei den Herden Nr. 5 und 8 des Betriebes A

		<i>SmaI</i> -Genotyp (Anzahl Stämme mit Genotyp)					
Herde (Nr.)		5		8		8	
Proben		Anz. Isolate/ Anz. typisiert		<i>C.jejuni</i>	<i>C.coli</i>	<i>C.jejuni</i>	<i>C.coli</i>
Mast	Blinddarmkot (Tupfer)	7/7	7/7	F(1), O(1)	L(5)	F(5), B(2)	-
	Transportkisten <u>vor</u> R/D	5/5	5/5	D(1)	L(4)	F(1), B(2)	J(2)
vor Schlachtung	Transportkisten <u>nach</u> R/D	5/5	5/5	-	L(5)	F(1), B(1)	L(3)
	Transportkisten- waschwasser	1/1	k.P.	S(1)	-	k.P.	k.P.
	Betäubungsbad	0	k.P.	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.
	Brühwasser	0	k.P.	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.
	Wasser aus Leber- Magen-Wanne	1/1	k.P.	P(1)	-	k.P.	k.P.
während Schlachtung	Tierkörper nach Brühen	5/3*	5/5	D(1)	L(2)	B(4)	J(1)
	Leber	1/1	1/1	F(1)	-	B(1)	-
	Magen	1/1	1/1	-	L(1)	B(1)	-
	Herz	1/1	1/1	D(1)	-	-	L(1)
	Tierkörper nach Kühlung	5/5	5/5	F(1), B(1)	L(3)	F(2), B(1)	J(1), L(1)
	Endprodukt (Schlachtkörper)	5/5	5/5	-	L(5)	F(2)	J(1), L(2)
nach Schlachtung	Transportkisten- waschwasser	1/1	1/1	-	L(1)	-	U(1)
	Betäubungsbad	1/1	1/1	-	L(1)	F(1)	-
	Brühwasser	1/1	1/1	-	L(1)	F(1)	-
	Wasser aus Leber- Magen-Wanne	1/1	1/1	-	L(1)	-	L(1)

Anz.=Anzahl; R/D=Reinigung/Desinfektion; k.P.=keine Probenahme; *=nicht alle Stämme aus der Stammhaltung konnten aktiviert und typisiert werden

4.1.4.6 Ergebnisse der Verfolgsuntersuchung bei Herden-Isolaten des Mastbetriebes B

Die Tab. 43 und 44 geben einen Überblick über das Vorkommen von *Smal*-Genotypen in der Mast und an den einzelnen Stationen in der Schlachtung. Aus der Mast wurden von den Herden 1, 3 und 4 (Juli) jeweils 7 Isolate und von den Herden 1 und 4 (August) jeweils 5 Isolate genotypisiert. Darüber hinaus wurden jeweils 64 Schlacht-Isolate von den Herden 3 und 4 (Juli) sowie von den Herden 1 und 4 (August) für Verfolgsuntersuchungen feindifferenziert. Insgesamt wurden damit 73 *C. jejuni*- und 5 *C. coli*-Stämme aus der Beprobung vom Juli sowie 17 *C. jejuni*- und 57 *C. coli*-Stämme aus der Beprobung vom August in die Untersuchungen mit einbezogen. Ein Stamm der Herde 4 (Juli), welcher von Transportkisten nach Reinigung und Desinfektion gewonnen worden war, konnte nicht aktiviert und typisiert werden. Das gleiche galt für ein Isolat, welches in der Schlachtung der Herde 4 (August) von Tierkörpern nach dem Brühen gewonnen worden war. Die einzelnen Subtypen wurden aufgrund ihrer Clusterzugehörigkeit den entsprechenden Genotypen zugeordnet.

Herden Nr. 4 und 3 (Juli)

Verfolgsuntersuchungen von *C. jejuni*-Stämmen in der Mast und Schlachtung

Wie schon bei den Herden 5 und 8 des Mastbetriebes A waren *C. jejuni*-Stämme mit dem Genotyp F bei beiden Herden vertreten. Sie wurden sowohl bei der Herde 4 als auch bei der Herde 3 in der Mast und Schlachtung isoliert. Bei der Herde 4 wurde dieser Genotyp bei Kottupfer-Isolaten und bei Isolaten von Transportkisten vor und nach Reinigung/Desinfektion, von Tierkörpern nach dem Brühen und nach der Luftkühlung sowie von Mägen, Herzen und Endprodukten identifiziert. Nach Schlachtung der Herde waren auch Betäubungsbad und Brühwasser mit diesen Klonen kontaminiert. Bei der im direkten Anschluß geschlachteten Herde 3 konnten Stämme des gleichen Genotypes aus Kottupfern sowie von Transportkisten vor und nach Reinigung/Desinfektion, von Tierkörpern nach dem Brühen und nach der Luftkühlung sowie von Lebern, Mägen, Herzen und Endprodukten isoliert werden. Prozeßwässer, wie Transportkistenwaschwasser, Brühwasser und Wasser aus der Leber-Magen-Wanne waren ebenfalls nach Schlachtung der Herde mit klonalen Stämmen kontaminiert. Stämme mit dem Genotyp E wurden nur bei der Herde 4 in der

Mast isoliert, was für eine Herdenspezifität spricht. Sie konnten in der Schlachtkette auch bei Lebern identifiziert werden. *C. jejuni*-Isolate mit dem Genotyp C wurden in der Schlachtung sowohl bei der Herde 4 aus Prozeßwasser (Transportkistenwaschwasser nach Durchlauf der Herde) als auch bei der Herde 3 aus einer Halshautprobe von einem Tierkörper nach Luftkühlung sowie von Endprodukten gewonnen werden. Isolate des Genotypes A wurden nur bei der Herde 3 vorgefunden. Diese herdenspezifischen Klone wurden sowohl in der Mast aus Kottupfern als auch in der Schlachtung von Transportkisten vor und nach Reinigung/Desinfektion und von Tierkörpern nach dem Brühen und nach der Luftkühlung isoliert. Darüber hinaus wurde dieser Klon auch im Betäubungsbad nach Durchlauf der Herde detektiert. Der Genotyp H wurde ebenfalls nur bei Stämmen der Herde 3 in der Schlachtung identifiziert. Sie traten erstmals bei Untersuchungen von Transportkisten nach Reinigung/Desinfektion auf und konnten anschließend in der Schlachtkette von Tierkörpern nach dem Brühen sowie von Endprodukten gewonnen werden. Ein Isolat, das von einem Tierkörper nach Luftkühlung bei der Herde 3 isoliert worden war, stellte den Genotyp R dar. Vor Schlachtbeginn wurde ein Stamm mit dem Typ Q aus kontaminiertem Transportkistenwaschwasser gewonnen. Stämme gleichen Genotypes konnten allerdings nicht mehr im weiteren Verlauf der Schlachtkette isoliert werden.

Als Resümee ließ sich feststellen, daß bei beiden Herden ein dominierender Genotyp (F) vorkam. Dieser Typ war auch schon bei den Isolat der Herden 5 und 8 des Mastbetriebes A stark vertreten. Als herdenspezifisch wurden Isolate vom Typ E bei der Herde 4 bzw. Isolate vom Typ A bei der Herde 3 identifiziert. Während der Schlachtung trat bei der Herde 3 eine höhere Stammdiversität auf. Insgesamt konnten hier 3 zusätzliche Genotypen (C, H, R) detektiert werden.

Verfolgsuntersuchungen von *C. coli*-Stämmen in der Mast und Schlachtung

Bei der Herde 4 wurden ausschließlich *C. coli*-Stämme mit dem Genotyp K sowohl in der Mast als auch in der anschließenden Schlachtung von einer Transportkiste nach Reinigung/Desinfektion, von einem Endprodukt sowie aus Wasser der Leber-Magen-Wanne nach Durchlauf der Herde isoliert. Dagegen konnte bei der Herde 3 nur ein *C. coli*-Isolat des Genotypes J in der Mast

gewonnen werden, während in der Schlachtung keine weiteren *C. coli*-Stämme isoliert wurden.

Zusammenfassend konnte festgestellt werden, daß der in der Herde 4 detektierte Genotyp (K) herdenspezifisch auftrat. Allerdings konnte dieser Typ auch bei Kottupfer-Isolaten der Herde 1 (Juli) ermittelt werden. Diese Herde wurde in der Schlachtung nicht beprobt.

Tab. 43: Vorkommen von *SmaI*-Genotypen in der Mast und an einzelnen Stationen in der Schlachtung bei den Herden Nr. 4 und 3 des Betriebes B

		<i>SmaI</i> -Genotyp (Anzahl Stämme mit Genotyp)					
Herde (Nr.)		4		3		4	
Proben		Anz. Isolate/ Anz. typisiert		<i>C. jejuni</i>		<i>C. coli</i>	
Mast	Blinddarmkot (Tupfer)	7/7	7/7	F(2), E(4)	K(1)	F(2),A(4)	J(1)
	Transportkisten <u>vor</u> R/D	5/5	5/5	F(5)	-	F(4),A(1)	-
	Transportkisten <u>nach</u> R/D	5/4*	5/5	F(3)	K(1)	F(1),A(2), H(2)	-
vor Schlachtung	Transportkisten- waschwasser	1/1	k.P.	Q(1)	-	k.P.	k.P.
	Betäubungsbad	0	k.P.	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.
	Brühwasser	0	k.P.	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.
	Wasser aus Leber- Magen-Wanne	0	k.P.	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.
während Schlachtung	Tierkörper nach Brühen	5/5	5/5	F(5)	-	F(1),A(3), H(1)	-
	Leber	1/1	1/1	E(1)	-	F(1)	-
	Magen	1/1	1/1	F(1)	-	F(1)	-
	Herz	1/1	1/1	F(1)	-	F(1)	-
	Tierkörper nach Kühlung	5/5	5/5	F(5)	-	F(2),A(1), C(1),R(1)	-
nach Schlachtung	Endprodukt (Schlaktkörper)	5/5	5/5	F(4)	K(1)	F(2),C(2), H(1)	-
	Transportkisten- waschwasser	1/1	1/1	C(1)	-	F(1)	-
	Betäubungsbad	1/1	1/1	F(1)	-	A(1)	-
	Brühwasser	1/1	1/1	F(1)	-	F(1)	-
	Wasser aus Leber- Magen-Wanne	1/1	1/1	-	K(1)	F(1)	-

Anz.=Anzahl; R/D=Reinigung/Desinfektion; k.P.=keine Probenahme; *=nicht alle Stämme aus der Stammhaltung konnten aktiviert und typisiert werden

Herden Nr. 1 und 4 (August)

Verfolgsuntersuchungen von *C. jejuni*-Stämmen in der Mast und Schlachtung

Bei den *C. jejuni*-Isolaten aus der Herde 1 dominierten Stämme des Genotypes D, welche als herdenspezifisch angesehen werden können. Sie wurden in Kottupferproben und auf Transportkisten vor und nach Reinigung/Desinfektion sowie auf Tierkörpern nach dem Brühen identifiziert. Ein weiterer Stamm mit dem Genotyp M wurde in der Schlachtung der Herde 1 von Transportkisten nach Reinigung/Desinfektion isoliert. *C. jejuni*-Isolate aus der Schlachtung der Herde 4 entsprachen ausschließlich dem Genotyp G. Sie wurden von Transportkisten vor und nach Reinigung/Desinfektion und von Tierkörpern nach dem Brühen isoliert. Vor Schlachtbeginn konnte aus dem Transportkistenwaschwasser ein Stamm des Types N identifiziert werden, welcher an keiner weiteren Station in der Schlachtung auftrat.

Als Resultat der Untersuchung ließ sich feststellen, daß in der Herde 1 ein herdenspezifischer Klon (Genotyp D) gefunden wurde, welcher in der Mast und Schlachtung bei den *C. jejuni*-Isolaten dominierte. Dieser Typ war auch gehäuft an Stationen in der Schlachtung der Herde 5 des Mastbetriebes A aufgetreten. Bei der Herde 4 konnte zwar zunächst kein *C. jejuni*-Stamm in der Mast isoliert werden. Dafür wurde ein dominierender Genotyp (G), welcher schon auf Transportkisten vor Reinigung/Desinfektion gefunden wurde, auch während der Schlachtung ermittelt.

Verfolgsuntersuchungen von *C. coli*-Stämmen in der Mast und Schlachtung

Die *C. coli*-Stämme konnten bis auf ein Isolat alle dem Genotyp I zugeordnet werden. Sie wurden zunächst bei beiden Herden in der Mast aus Kottupfern isoliert. Anschließend traten sie sowohl bei der Herde 1 als auch bei der in direkter Folge geschlachteten Herde 4 auf Transportkisten vor und nach Reinigung/Desinfektion, auf Tierkörpern nach dem Brühen und nach der Luftkühlung sowie auf Lebern, Mägen, Herzen und Endprodukten auf. Sämtliche beprobten Prozeßwässer (Transportkistenwaschwasser, Betäubungsbad, Brühwasser, Wasser aus der Leber-Magen-Wanne) waren jeweils nach Durchlauf der Herden mit diesem Klon kontaminiert. Eine Ausnahme bildete ein Isolat, welches bei der Herde 1 in der Schlachtung von einem Tierkörper nach der Luftkühlung gewonnen worden war. Es stellte den Genotyp T dar.

Zusammenfassend ließ sich erkennen, daß bei beiden Herden ein *C. coli*-Klon (Genotyp I) sowohl in der Mast als auch in der Schlachtung dominierte. Nur bei der Herde 1 konnte während der Schlachtung noch ein zusätzlicher Genotyp (T) identifiziert werden.

Tab. 44: Vorkommen von *SmaI*-Genotypen in der Mast und an einzelnen Stationen in der Schlachtung bei den Herden Nr. 1 und 4 des Betriebes B

Herde (Nr.)	<i>SmaI</i> -Genotyp (Anzahl Stämme mit Genotyp)							
	1		4		1		4	
Proben	Anz. Isolate/ Anz. typisiert		<i>C. jejuni</i>		<i>C. coli</i>		<i>C. coli</i>	
Mast								
Blinddarmkot (Tupfer)	7/5	7/5	D(2)	I(3)	-	I(5)		
vor Schlachtung	Transportkisten <u>vor</u> R/D	5/5	5/5	D(3)	I(2)	G(1)	I(4)	
	Transportkisten <u>nach</u> R/D	5/5	5/5	D(2), M(1)	I(2)	G(2)	I(3)	
	Transportkisten- waschwasser	1/1	k.P.	N(1)	-	k.P.	k.P.	
	Betäubungsbad	0	k.P.	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.	
	Brühwasser	0	k.P.	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.	
	Wasser aus Leber- Magen-Wanne	0	k.P.	keine Isolate	keine Isolate	k.P.	k.P.	
während Schlachtung	Tierkörper nach Brühen	5/5	5/4*	D(2)	I(3)	G(3)	I(1)	
	Leber	1/1	1/1	-	I(1)	-	I(1)	
	Magen	1/1	1/1	-	I(1)	-	I(1)	
	Herz	1/1	1/1	-	I(1)	-	I(1)	
	Tierkörper nach Kühlung	5/5	5/5	-	I(4), T(1)	-	I(5)	
	Endprodukt (Schlachtkörper)	5/5	5/5	-	I(5)	-	I(5)	
nach Schlachtung	Transportkisten- waschwasser	1/1	1/1	-	I(1)	-	I(1)	
	Betäubungsbad	1/1	1/1	-	I(1)	-	I(1)	
	Brühwasser	1/1	1/1	-	I(1)	-	I(1)	
	Wasser aus Leber- Magen-Wanne	1/1	1/1	-	I(1)	-	I(1)	

Anz.=Anzahl; R/D=Reinigung/Desinfektion; k.P.=keine Probenahme; *=nicht alle Stämme aus der Stammhaltung konnten aktiviert und typisiert werden