

10 Anhang

A. Anhangstabellen

Anhangstabelle 1: Lösungen, Puffer und Medien für die Durchführung der Pulsfeld-Gelelektrophorese (Seite 243)

Anhangstabelle 2: Angewendete Reinigungs- und Desinfektionsmittel in den beprobten Geflügelmast- und schlachthanlagen (Seite 244)

Anhangstabelle 3: Gewählte Parameter in den einzelnen Bearbeitungsabschnitten von GelCompar II Version 3.0 (Seite 245)

Anhangstabelle 4: Prävalenz von thermophilen *Campylobacter* spp. in Kot-tupferproben (n=510) aus Hähnchenherden der Mastbetriebe A, B, C im Zeitraum Dezember 2001 bis August 2002 (Seite 246)

Anhangstabelle 5: Durchschnittliche Temperatur- und pH-Werte von Prozeßwässern, Innereien und Endprodukten (Seite 246)

B. Anhangsabbildungen

Anhangsabbildung 1: Isolierungsraten thermophiler *Campylobacter* spp. an 6 ausgewählten Stationen in der Schlachtung bei Beprobungen von positiven Herden der Mastbetriebe A und B (Seite 247)

Anhangsabbildung 2: DNA-Fragmentmuster von repräsentativen *C. jejuni*- und *C. coli*-Isolaten nach Verdau der genomischen DNA mit *Sma*I (Seite 248)

Anhangsabbildung 3: DNA-Fragmentmuster von repräsentativen *C. jejuni*- und *C. coli*-Isolaten nach Verdau der genomischen DNA mit *Kpn*I (Seite 249)

Anhangstab.1: Lösungen, Puffer und Medien für die Durchführung der Pulsfeld-Gelelektrophorese

| Verbrauchsmaterial | Zusammensetzung | Anwendung in der PFGE |
|----------------------------------|---|--|
| Pett IV-Puffer | 0,01 M Tris-HCL, 0,01 M EDTA, 1 M Na Cl, pH 8,0 | Abschwemmen der Kolonien von Platte: Herstellung der Keimsuspension |
| InCert-Agarose (2%ig) | InCert-Agarose, Aqua bidest. | Herstellung der Agarose-Blöckchen |
| ESP-Puffer | 1% N-Laurylsarcosin, 0,5 M EDTA, 0,1% Proteinase K, pH 8,0 | Lysispuffer zum Freilegen der Zell-DNA |
| TE (Tris-EDTA)-Puffer | 0,01 M Tris-HCL, 0,001 M EDTA, pH 8,0 | Puffer zum Waschen der lysierten Blöckchen |
| Restriktionspuffer | 10 x NE Puffer 4 (für <i>Sma</i> I), 10 x NE Puffer 1 (für <i>Kpn</i> I), 100 x BSA, Aqua bidest. | Restriktionspuffer für den Verdau in Kombination mit den Restriktionsenzymen <i>Sma</i> I, bzw. <i>Kpn</i> I |
| Stopplösung | 0,5 x TBE, 0,005% Bromphenolblau (0,02%ig) | Lösung zum Abstoppen der Enzymreaktion |
| Agarose Gel | 1%ige SeaKem GTG Agarose, 0,5 x TBE-Puffer | Herstellung des Geles |
| TBE-Puffer | 0,5 x TBE-Puffer | Laufpuffer |
| 0,0003%ige Ethidiumbromid-Lösung | Stammlösung (1%ig), Aqua bidest. | Färbelösung zum Färben des Geles |

EDTA= Ethylendinitrilotetraessigsäure

BSA= Bovines Serum Albumin

TBE= Tris-(hydroxymethyl)aminomethan, Borsäure, EDTA

Anhangstab.2: Angewendete Reinigungs- und Desinfektionsmittel in den beprobten Geflügelmast- und schlachthanlagen

| | Anwendung | Name | Hersteller | Wirkstoffe |
|--------------------|--|--------------|------------|---|
| Mast | Stall- desinfektion | Sorgene 5 | Ohlsen | -Wasserstoffsupperoxid -Peressigsäure |
| | | Formalin | | -Formaldehyd |
| | Tränken- desinfektion | Systemclean | Ewabo | -Wasserstoffperoxid |
| | Stiefel- desinfektion | Wofasept | KESLA | - Quat. Ammonium- verbindungen |
| Schlachtung | Reinigung | P3-topax 56 | Ecolab | -Phosphorsäure |
| | Desinfektion | P3-topax 91 | Ecolab | -Dimethylalkylbenzyl- ammoniumchlorid |
| | Reinigung | P3-topax 66 | Ecolab | -Chlorbleichlauge -Aktivchlor -Natriumhydroxid -nichtionisches Tensid |
| | Desinfektion | P3-topax 95 | Ecolab | -Natriumhypochlorit -Kaliumhydroxid |
| | Transport- kistenreinigung u.-desinfektion | P3-ansep ALU | Ecolab | -Natriumhypochlorit -Natriumhydroxid |

Anhangstab.3: Gewählte Parameter in den einzelnen Bearbeitungsabschnitten von GelCompar II Version 3.0

| Bearbeitungsabschnitt | gewählte Option |
|---|---|
| <u>1.Grundeinstellungen</u> | |
| Dateiformat | zweidimensionales TIFF-Format, 256 Grautöne (8-bit OD depth), Negativ (inverted densitometric values) |
| <u>2.Konvertierung</u> | |
| a.Spurenerfassung | |
| Anzahl untersuchter Spuren | 20 |
| Breite der einzelnen Spuren (thickness) | 29 |
| Anzahl der Korrekturpunkte (nodes) | 3 |
| Kontrast (tone curve) | linear |
| Entfernung von dunkel erscheinenden Schmutzpartikeln (spot removal) | 4 pts |
| b.Densitometrische Kurven | |
| Breite der densitometrischen Messung | 13 |
| Anzahl der Korrekturpunkte (nodes) | 2 |
| Filter | median filter |
| Hintergrundreduktion (background subtraction) | 9% (disk size) |
| <u>3.Normalisierung</u> | |
| Auflösung | 460 pts |
| Referenzspuren | 1, 10, 20 |
| <u>4.Bandenerfassung</u> | |
| Bandensuchfilter: | |
| Minimalprofil | 5% |
| Schaltersensitivität (Sensitivität für überlagerte Banden) | 5 |
| <u>5.Cluster-Analyse</u> | |
| a.Ähnlichkeitskoeffizient | |
| Positionstoleranz | 1,00% |
| Optimierung | 0,50% |
| b.Dendrogramm-Typ | |
| | UPGMA |

Anhangstab.4: Prävalenz von thermophilen *Campylobacter* spp. in Kot-tupferproben (n=510) aus Hähnchenherden der Mastbetriebe A, B, C im Zeitraum Dezember 2001 bis August 2002

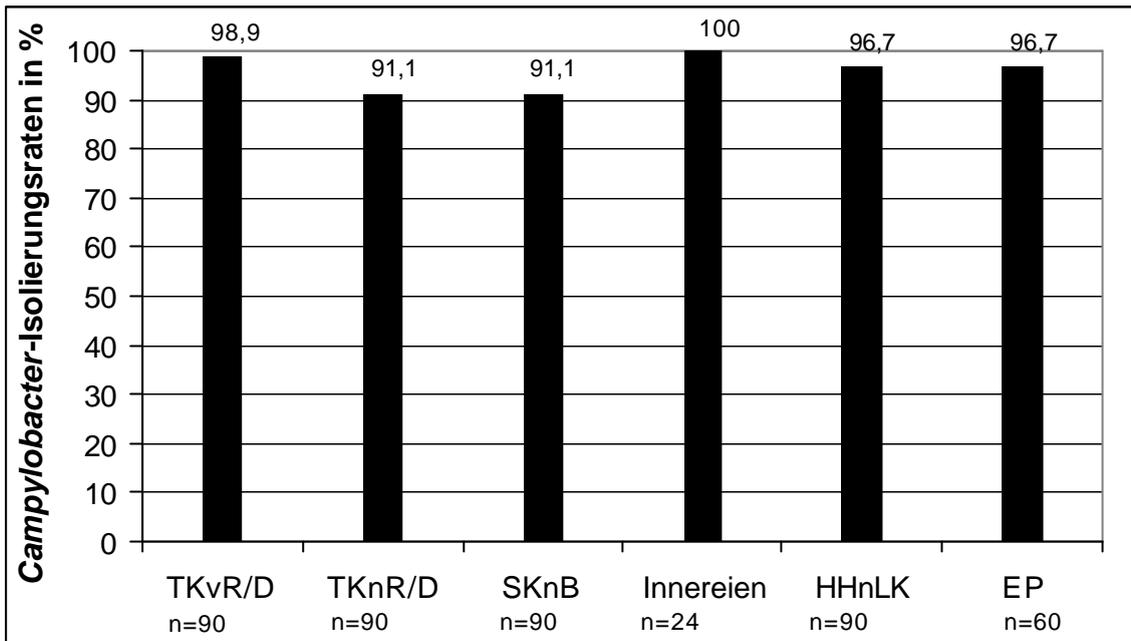
| Prävalenz von <i>Campylobacter</i> spp. (Anzahl positiv/Anzahl Proben) | | | | | | | | | |
|---|------|------|------|--------|------|--------|-------|-------|-------|
| | Dez | Jan | Feb | Mrz | Apr | Mai | Juni | Juli | Aug |
| Mastbetrieb A | k.P. | 0/50 | k.P. | 20/40 | 0/30 | 60/70 | 20/20 | k.P. | k.P. |
| Mastbetrieb B | 0/40 | k.P. | 0/40 | 20/40 | k.P. | 30/40 | k.P. | 40/40 | 40/40 |
| Mastbetrieb C | k.P. | k.P. | k.P. | 0/60 | k.P. | k.P. | k.P. | k.P. | k.P. |
| Summe | 0/40 | 0/50 | 0/40 | 40/140 | 0/30 | 90/110 | 20/20 | 40/40 | 40/40 |
| Anz.positiv/ Anz.Proben (%) | (0) | (0) | (0) | (28,6) | (0) | (81,8) | (100) | (100) | (100) |

k.P.= keine Probenahme

Anhangstab.5: Durchschnittliche Temperatur- und pH-Werte von Prozeßwässern, Innereien und Endprodukten

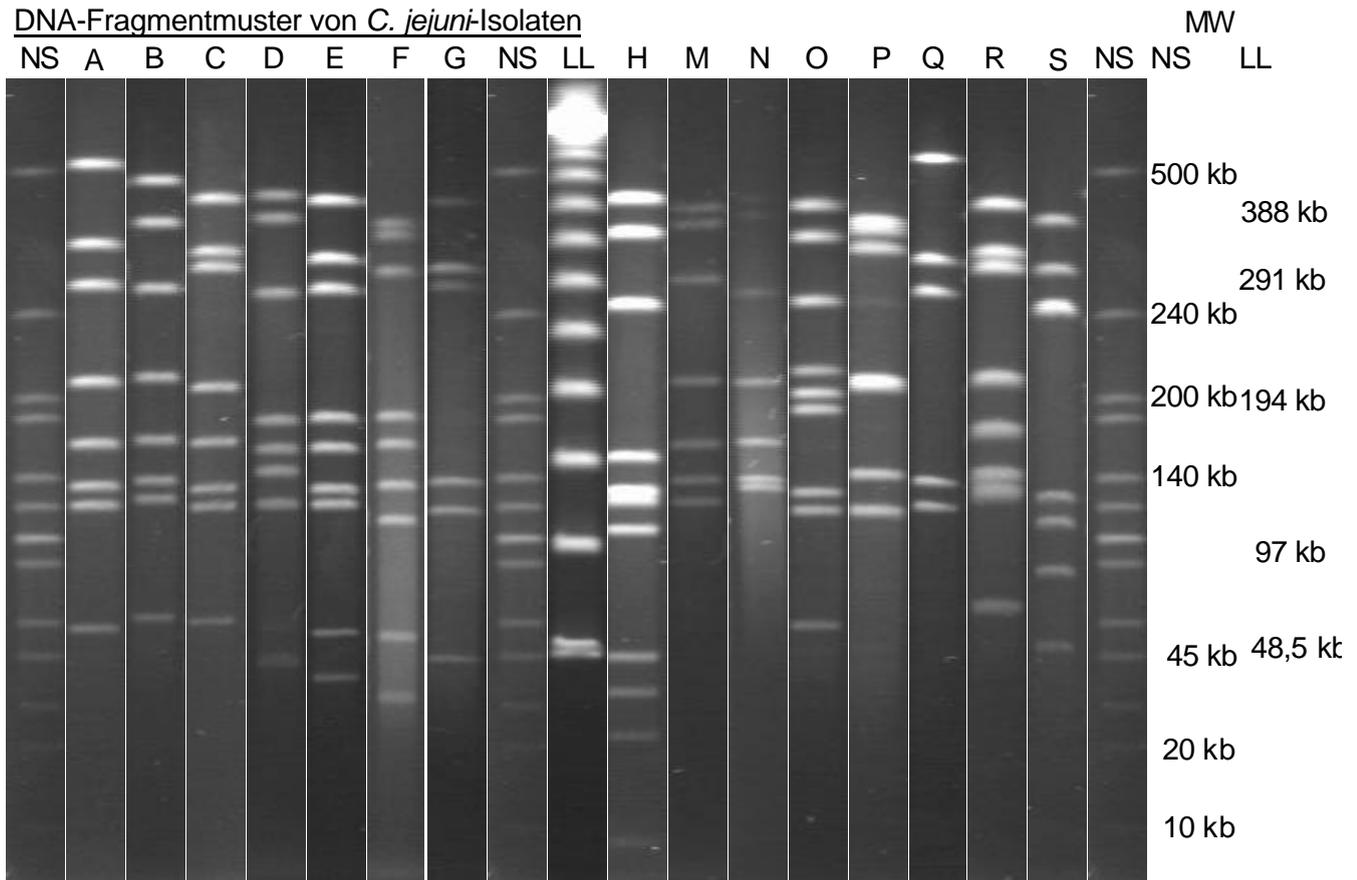
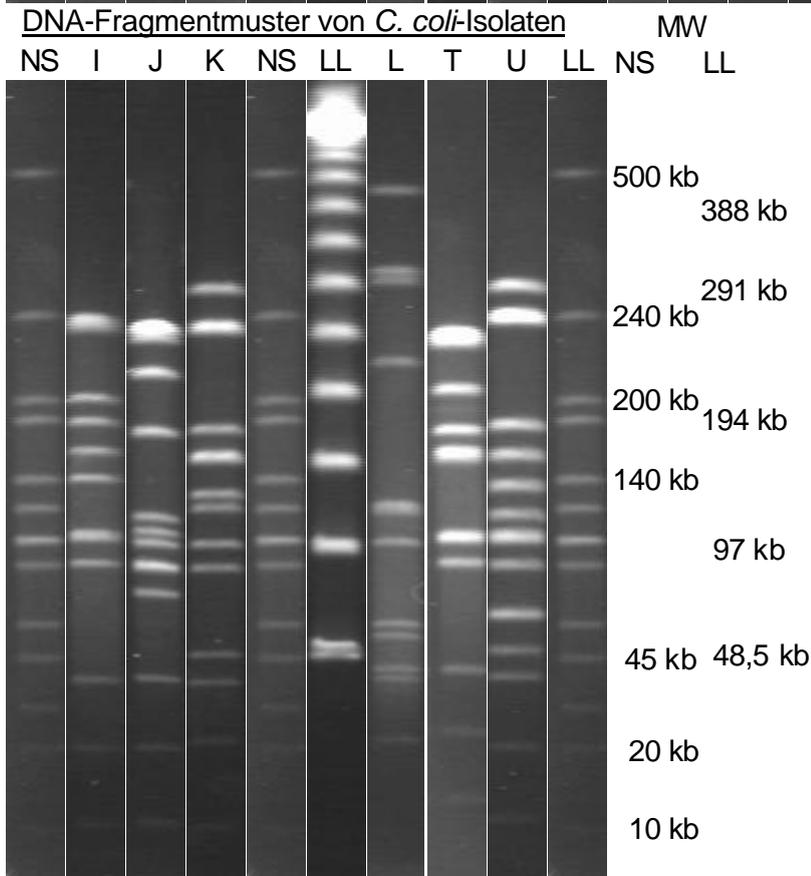
| Schlachtstationen | Temperatur | | pH-Wert | |
|---------------------------------|------------|---------|---------|---------|
| | vor S. | nach S. | vor S. | nach S. |
| Transportkistenwaschwasser | 18°C | 22°C | 7,8 | 6,6 |
| Betäubungsbad | 16°C | 18°C | 7,7 | 6,7 |
| Brühwasser | 53°C | 50°C | 8,3 | 6,9 |
| Wasser aus Leber-Magen-Wanne | 15°C | 16°C | 7,5 | 6,4 |
| Endprodukte | | nach S. | | nach S. |
| Schlachtkörper | | 4°C | | 7,2 |
| Leber | | | | 6,2 |
| Magen | | | | 6,4 |
| Herz | | | | 6,9 |

S.= Schlachtung



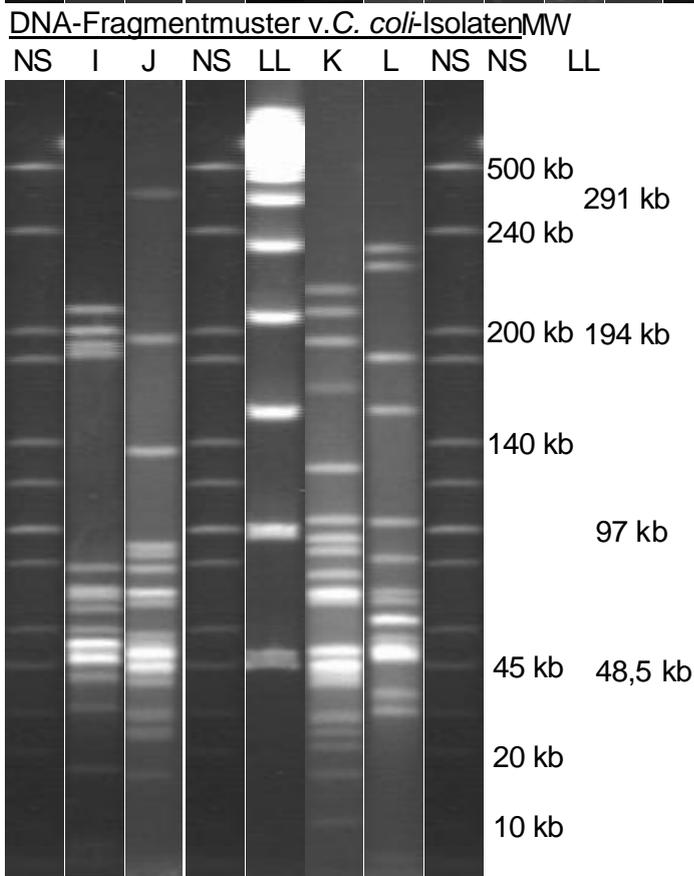
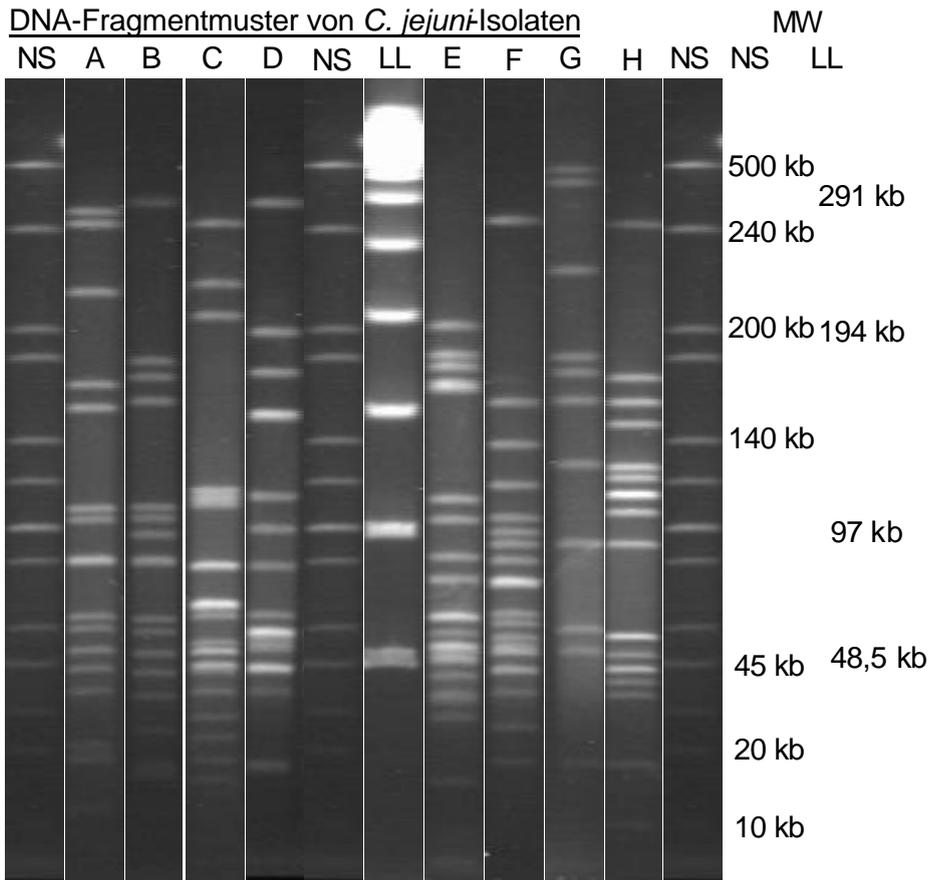
TKvR/D= Transportkisten vor Reinigung und Desinfektion; TKnR/D= Transportkisten nach Reinigung und Desinfektion; SKnB= Tupferproben von Schlachtkörpern nach Brühen; HHnLK= Halshautproben von Schlachtkörpern nach Luftkühlung; EP= Endprodukt

Anhangsabb.1: Isolierungsraten thermophiler *Campylobacter* spp. an 6 ausgewählten Stationen in der Schlachtung bei Beprobungen von positiven Herden der Mastbetriebe A und B

DNA-Fragmentmuster von *C. jejuni*-IsolatenDNA-Fragmentmuster von *C. coli*-Isolaten

NS= Stamm CNET 068 (Standard für Normalisierung); LL= Lambda Ladder; MW= Molekulargewichte

Anhangsabb.2: DNA-Fragmentmuster von repräsentativen *C. jejuni*- und *C. coli*-Isolaten nach Verdau der genomischen DNA mit *Sma*I (die Buchstaben über den Spuren bezeichnen die jeweiligen *Sma*I-Genotypen).



NS= Stamm CNET 068 (Standard für Normalisierung); LL= Lambda Ladder; MW= Molekulargewichte
Anhangsabb.3: DNA-Fragmentmuster von repräsentativen *C. jejuni*- und *C. coli*-Isolaten nach Verdau der genomischen DNA mit *KpnI* (die Buchstaben über den Spuren bezeichnen die jeweiligen *KpnI*-Genotypen).