

## 6. Zusammenfassung

### Molekularbiologisch differenzierte *Salmonella* - Isolate aus norddeutschen Schweinemast-, Schweineschlacht- und Zerlegetrieben

Die exakte und sichere Identifizierung bakterieller Infektionserreger gehört zu den Hauptaufgaben der lebensmittelmikrobiologischen Diagnostik und ist ein unverzichtbarer Bestandteil der lebensmittelhygienischen und lebensmittelrechtlichen Beurteilung von Ausgangsrohstoffen und Fertigprodukten. Dieses ist ganz besonders für zoonotische *Salmonellen* von Bedeutung.

Ziel dieser Arbeit war es, die auf allen Produktionsebenen von Schweinefleisch isolierten *Salmonella* - Serovare sowohl klassisch als auch molekularbiologisch zu differenzieren, um einen möglichst hohen Grad der Differenzierung der Isolate auf den Produktionsebenen zu erreichen und die Isolate anhand von verschiedenen Untersuchungsmerkmalen zu vergleichen. Die genaueste Charakterisierung von *Salmonella* - Isolaten ermöglicht die Aufdeckung von Infektketten und kann bei der Erarbeitung von Bekämpfungsmaßnahmen hilfreich sein. Die in o.g. Betrieben isolierten *Salmonella* - Stämme wurden mittels Serologie, Antibiogramm, Biotypie und Lysotypie klassisch differenziert.

Das am häufigsten gefundene *Salmonella* - Serovar war Typhimurium ( 28 Isolate ), an zweiter Stelle folgte Hadar ( 3 Isolate ). Weiterhin konnten *S. Derby*, *S. Anatum* und *S. Brandenburg* isoliert werden.

Die Unterscheidung der *S. Typhimurium* - Isolate mittels Antibiogramm, Biotypie und Lysotypie war nicht möglich.

Im Rahmen der molekularbiologischen Differenzierung wurde die Plasmidprofilbestimmung, der Nachweis von Virulenzgenen mittels einer spezifischen Virulenzsonde und die Pulsfeld - Gelelektrophorese von  $\lambda$ hal verdauter Gesamtzell - DNA durchgeführt.

Es wurden alle 28 *S. Typhimurium* - Isolate mit den o.g. Methoden differenziert. Bei der Plasmidanalyse in Form des Plasmidprofils ergab sich für alle Isolate ein fast einheitliches Bild. Bei allen Isolatentypen konnte ein großes ~ 60 MDa Plasmid und gelegentlich zusätzliche kleinere Plasmide nachgewiesen werden.

Das ~ 60 MDa Plasmid erwies sich durch die Hybridisierung mit einer entsprechenden Sonden in allen Fällen als Virulenzplasmid.

Um eine weitere stabile Differenzierung zu ermöglichen wurde die Gesamtzell - DNA mittels der Makrorestriktionsanalyse in der Pulsfeld - Gelelektrophorese untersucht. Bei dieser Untersuchung hat sich auch ein fast einheitliches Bandenmuster aller untersuchten Isolate gezeigt, so daß man von einer sehr engen Verwandtschaft aller untersuchten *S. Typhimurium* - Isolate sprechen kann.

Mit den durchgeführten Untersuchungen konnte gezeigt werden, daß auf der Produktionsebene Masttier der Nachweis von Salmonellen nur in einem Fall möglich war. In den zwei weiteren Produktionsebenen Schlachtung und Zerlegung konnten in allen untersuchten Betrieben Salmonellen nachgewiesen werden. Eine Infektionskette mit Korrelationen der Isolate vom Mastschwein über die der Tierkörperoberfläche nach der Schlachtung und anschließender Streuung in die Zerlegung konnte nicht gefunden werden.

## 7. Summary

WILKE, THOMAS

### **Molecular differentiation of *Salmonella* isolates from North German pig masting enterprises, pig abattoirs and processing companies**

The exact identification of bacterial infections agents is one of the essential tasks of microbiological food diagnostic. It is also an indispensable factor concerning the examination of unprocessed material and final products as to according hygiene and food lawgiving. This is of particular importance with regard to zoonotic *Salmonella*.

The aim of this work was to differentiate the isolates of different *Salmonella* serovars isolated from pig meat at all production levels by conventional as well as molecular methods in order to obtain the highest possible degree of differentiation. The specific characterisation of *Salmonella* isolates enables the detection of chains of infection and can be useful when elaborating effective control measures.

The *Salmonella* strains isolated in the above-mentioned factories were differentiated by means of serology, antibiotic resistance testing, biochemical characteristics, and phagetyping.

The most frequently isolated *Salmonella* serovar was Typhimurium ( 28 isolates ), followed by Hadar ( 3 isolates ). Furthermore, *S. Derby*, *S. Anatum*, and *S. Brandenburg* could be isolated. It was impossible to distinguish the *S. Typhimurium* isolates by their antibiotic resistance patterns, their biochemical properties or their phage types.

The following molecular techniques were used for the differentiation of the 28 *S. Typhimurium* isolates: plasmid profile analysis, the detection of plasmid encoded virulent genes with a specific virulence gene probe, and *Xba*I - macrorestriction analysis. The plasmid analysis revealed the presence of seven plasmid profiles among the 28 *S. Typhimurium* isolates.

A virulence plasmid of ~ 60 MDa as detected by hybridisation with a *spv* B/C gene probe was shown to be present in all *S. Typhimurium* isolates while additional smaller plasmids occurred occasionally.

The investigation of the *S. Typhimurium* isolates by *Xba*I - macrorestriction analysis revealed closely related fragment patterns.

*Salmonella* isolates were detected at the mast pig production level only in one single case.

The presence of *Salmonella* could be shown in all examined factories at the other two production levels, i.e. slaughtering and processing. However, a chain of infection with correlations of the isolates from mast pig to those of the animal's body surface after slaughtering with subsequent spreading into processing could not be demonstrated.