

6 ZUSAMMENFASSUNG

Akcan, Meim

Untersuchungen zur Mikroflora von Geflügeleinstreu unterschiedlicher Beschaffenheit unter Berücksichtigung des Auftretens von Keimen der Gattung Salmonella

Mit der vorliegenden Arbeit wurden folgende Fragestellungen bearbeitet

- Gibt es eine reproduzierbare mikrobiologische Assoziation in einer durch Geflügel belegten Einstreu?
- Wie ist die Mikroflora zusammengesetzt?
- Ändert sich die Flora nach reproduzierbaren Einflüssen?
- Wie verhält sich Salmonella in einem bestimmten Milieu (Einstreu)?

Zu überprüfende Einflüsse waren - Einstreuart ,
- Belegung durch Tiere,
- Dauer der Belegung

Zu diesem Zweck wurde die Mikroflora von Geflügeleinstreu (Broilermast) vor der Belegung, während der Belegung und nach der Belegung differenziert und zusätzlich das Auftreten von Salmonellen in der Einstreu und in anderen Probenmaterialien erfaßt.

6.1 Durchgeführte Untersuchungen:

Die Mikroflora der Geflügeleinstreu (Holzspäne u Strohhacksel) wurde in zwei Versuchsdurchgängen unter Einstellung von insgesamt 195 Küken und je Versuchsdurchgang in drei Phasen (Vorphase, Belegungsphase, Nachphase) untersucht

Zusätzlich wurden die GKZ der Einstreu, der Stallluft, des Tränkwassers und die Mikroflora der Einstreu bestimmt. Als anaerobe Vertreter wurde auf Clostridien überprüft. Zusätzlich wurde eine taxonomische Differenzierung vorgenommen.

Einstreu, Futter, Tiere und die nach der Schlachtung von den Tieren stammenden Proben wurden auf Salmonellen überprüft.

Als physikalische Parameter wurden die a_w -Werte der Einstreu, das Gewicht der Tiere und die Temperatur der Einstreu erfaßt.

6.2 Ergebnisse:

a) Gesamtkeimzahl:

Vor Einstellung der Tiere lagen große Unterschiede zwischen Holzspänen und Strohhacksel vor. In den Vorphasen lag die GKZ der Einstreu für Holzspäne bei 4,0 [lg] und für Strohhacksel bei 7,5 [lg].

Während der Belegungsphasen und Nachphasen lag die GKZ der Einstreu bei 9,7 [lg] bzw. bei 9,6 [lg] (Holzspäne) und bei 9,8 [lg] bzw. bei 9,3 [lg] (Strohhacksel)

Bei den Wasserproben wurden GKZ-Werte von 5,9 [lg] und 5,8 [lg] ermittelt

In der Stallluft wurden die höchsten GKZ-Werte während der Belegungsphasen gefunden. In dieser Zeit lagen die Werte je m³ in der Außenluft bei 3,4 - 3,9 [lg], im Stall bei 5,9 - 6,0 [lg]

In den Vorphasen und Nachphasen der beiden Versuchsdurchgänge und in den Räumen lag die GKZ der Luft bei 2 - 3 [lg] bzw. bei 3 - 4 [lg]

b) Differenzierung

Die überwiegende Flora der Einstreu bestand aus grampositiver Flora. In den Vorphasen lag die Nachweisquote für gramnegative Isolate ca. bei 25 %. Danach zeigte diese Gruppe eine ständig absteigende Tendenz bis auf 5,5 %, während die Tendenz bei der grampositiven Flora ansteigend war. Die Isolate-Zahl der grampositiven Kokken und grampositiven Stäbchen lag jeweils über 40 %, dabei wurde bei grampositiven Stäbchen keine große Schwankung beobachtet.

Die am häufigsten isolierten grampositiven Kokken waren *Staphylococcus*, *Aerococcus*, *Pediococcus*, *Streptococcus* und *Micrococcus*. Als grampositive Stäbchen kamen überwiegend grampositive katalasepositive unregelmäßige nicht sporulierende (GKPUS) Stäbchen vor.

Clostridien in der Einstreu wurden erst nach der Einstellung der Tiere nachgewiesen.

Bei den Gramnegativen wurden *Enterobacteriaceae*, *Flavobacterium* und *Moraxella* häufiger isoliert.

c) Salmonellen

Im Versuchsdurchgang II wurden Salmonellen erst nach der Einstellung der Tiere nachgewiesen. Insgesamt waren von untersuchten 472 Einstreuproben 153 Proben *Salmonella*-positiv.

Außerdem waren 2 von 192 Blinddarmproben, 2 von 480 Kloakentupferproben, 3 von 93 Brusthautproben, 4 von 93 Ständerproben und 5 von 93 Leberproben *Salmonella*-positiv.

Bei den aus den Futtersäcken gezogenen 22 Futterproben konnten keine Salmonellen nachgewiesen werden, obwohl 11 von 88 aus Futtertrögen entnommenen Futterproben *Salmonella*-positiv waren.

Die Nachweisrate von Salmonellen in der Einstreu war im Verlauf abfallend.

7 SUMMARY

AKCAN, METIN

Investigations on the microflora of different types of poultry litter with particular respect to the occurrence of Salmonella

In this study the following questions were dealt with:

- Is there any microbiological association in poultry litter?
- How is the composition of the microflora?
- How is the recovery of Salmonella in a definitive environment (poultry litter)?
- Have some factors any impact on the bacteriological composition such as
 - litter type
 - housing with chicks
 - duration of housing

To that purpose the microflora of the litter was surveyed before housing in, during housing and after slaughtering

Material and Methods:

The microflora of litter (wood-shavings and straw) was surveyed in two experiments, each divided into the phases before housing, during housing and after slaughtering. In the first experiment 99 chicks, in the second 96 chicks (totally 195 Broiler-chicks) were stocked.

In addition the total bacterial counts of poultry litter, air and drinking water the taxonomy of litter was surveyed as well as Clostridium in litter as an anaerobic bacteria.

Litter, feed, chicks and samples of the chicks after slaughtering were examined for Salmonella.

As physical parameters the a_w of litter, weight of the chicks and temperature of litter were recorded.

Results:

a) Total bacterial counts

There was a quantitative difference between wood-shavings and straw before housing the chicks. In the first phases of both experiments the total bacterial counts of wood-shavings was found 4,0 [lg] and for straw 7,5 [lg] per gram of litter.

In both experiments during housing and after slaughtering there was no difference with respect to the total bacterial counts. In wood-shavings the total bacterial count was 9,7 [lg] respectively 9,6 [lg] and in straw 9,8 [lg] respectively 9,3 [lg] per gram of litter

In the drinking water the total bacterial count was 5,9 [lg] and 5,8 [lg] per ml.

Air: the highest total bacterial count was obtained during the housing period. In open air the count was 3,4 - 3,9 [lg] and inside the stables 5,9 - 6,0 [lg] per m³. In the period before housing the total bacterial count accounted to 2 - 3 [lg] and after slaughtering to 3 - 4 [lg].

b) Taxonomy of the microflora:

The main bacterial flora found in litter was Gram-positive. In the very beginning of both experiments the isolation-rate of Gram-negative flora was ca. 25 %, their level slowly decreasing to 5,5 %. At the same time the isolation-rate of Gram-positives increased. The isolation-rate of Gram-positive cocci and Gram-positive rods accounted higher than 40 %. The isolation-rate of Gram-positive rods was relatively constant.

Most isolated Gram-positive cocci were: Staphylococcus, Aerococcus, Pediococcus, Streptococcus and Micrococcus. As Gram-positive rods, Gram-positive non-sporing and irregular rods were most frequently isolated. Clostridium was isolated first of all after housing in the chicks. Most isolated Gram-negative rods were: Enterobacteriaceae, Flavobacterium and Moraxella.

c) Salmonella.

In the second experiment Salmonella from litter was not detected before housing in the chicks. Totally 153 out of 472 litter samples were Salmonella positive. Also 2 out of 192 caecal samples, 2 out of 480 cloacal swabs, 3 out of 93 skin samples, 4 out of 93 leg samples and 5 out of 93 liver samples were Salmonella positive.

All 22 feed samples from feed bags were Salmonella negative, whereas 11 out of 88 feed samples from feed troughs were Salmonella positive.

The isolation-rate of Salmonella decreased with the course of time.