

6 ZUSAMMENFASSUNG

Mit der vorliegenden Arbeit wird an Hand von Daten zur Keimverteilung und zum Keimspektrum in einem ausgewählten Fleischerzeugnis (Rohwurst) ein Beitrag zur Reflektion der Labortechnik geliefert. Dabei lag das Hauptaugenmerk auf der Probenahme im Labor.

Es wurde der Frage nachgegangen, ob der Keimgehalt von an unterschiedlichen Stellen gezogenen Proben repräsentativ für die Keimverteilung im gesamten Lebensmittel ist, oder ob es möglicherweise eine unterschiedliche Keimverteilung innerhalb des Lebensmittels gibt. Außerdem wurde der nach der Amtlichen Sammlung § 35 vorgegebene Probengang in die Untersuchung einbezogen.

Untersucht wurden 20 Rohwürste mit der Bezeichnung „Salami“ im Verlauf von zwei Versuchsdurchgängen, wobei pro Versuchsdurchgang 10 Erzeugnisse verwendet wurden.

Im ersten Versuchslauf wurden 18 Proben à 10 g pro Erzeugnis an verschiedenen Lokalisationen entnommen. Zu diesem Zweck wurden die Erzeugnisse in 6 gleich große Segmente geteilt, die Probenahme erfolgte pro Segment im Zentrum, im Intermediärbereich sowie am Rand.

Im zweiten Versuchslauf wurden die Rohwürste halbiert und es erfolgten 12 Probenahmen. Von der einen Hälfte wurden entsprechend der Amtlichen Sammlung gemäß § 35 LMBG eine Menge von 200 g homogenisiert. Aus dem daraus gewonnenen Homogenisat wurden 3 Proben von mindestens 10 g eingewogen. Die andere Hälfte wurde in 3 Segmente geteilt und es erfolgten analog zum ersten Versuchslauf 3 Probenahmen im Zentrum, im Intermediärbereich und am Rand.

Insgesamt wurden 300 Proben verarbeitet.

Die Bestimmung der Gesamtkeimzahl erfolgte auf Plate-Count-Agar im Plattengußverfahren und auf Blut-Agar im Spatelverfahren. Als selektive Nährmedien wurden BAIRD-PARKER-Agar für die Gattung *Staphylococcus* im Spatelverfahren und MRS-Agar für die Gattung *Lactobacillus* im Plattengußverfahren verwendet. Von Blut-Agar und den selektiven Nährmedien wurden repräsentative Vertreter der morphologisch zu unterscheidenden Kolonieförmigkeiten isoliert und differenziert.

Die statistische Auswertung der Unterschiede in der Keimzahl bei unterschiedlicher Probenaufarbeitung erfolgte mittels des Programms „SAS“. Eng damit verbunden wurde dargestellt, inwieweit sich auf selektiven und nicht-selektiven Nährmedien gewonnene mikrobiologische Daten vergleichen lassen.

Die Ergebnisse zeigten, daß auf Blut-Agar generell die Keimzahl höher liegt als auf den Selektivmedien und dem anderen Medium (PC) zur Bestimmung der Gesamtkeimzahl. Die Differenz der Ergebnisse aus den Medien Blut-Agar : MRS-Agar war größer als die Differenz der Ergebnisse aus den Medien Blut-Agar : BP-Agar. Die Differenz von Blut-Agar : BP-Agar war größer als die Differenz der Gesamtkeimzahl von Blut-Agar : PC-Agar.

Die Keimverteilung wies von einem zum anderen Ende der Erzeugnisse keine signifikanten Unterschiede auf. Es bestand kein signifikanter Unterschied der Gesamtkeimzahlen im Kernbereich (Zentrum/Intermediär), dagegen war die Keimzahl am Rand signifikant geringer als im Kernbereich (Zentrum/Intermediär).

Die Keimzahlen der Proben aus dem Homogenisat lagen signifikant zwischen

Zentrum/Intermediärbereich und Rand, untereinander waren die Keimzahlen homogener als die Einzelproben.

Es wird gefolgert, daß zur Bestimmung des mittleren Keimgehaltes der Kornbereich (Zentrum/Intermediär) mit Rand homogenisiert und aufgearbeitet werden sollte, wobei ein Segment für die Probenahme ausreicht. Es können an jeder Stelle des Erzeugnisses Proben entnommen werden. Die geringere Keimzahl am Rand sollte jedoch beachtet werden.

Alternativ kann das gesamte Erzeugnis homogenisiert und aufgearbeitet werden, um die Keimzahlen in einem Erzeugnis repräsentativ darzustellen, da die Keimzahlen aller Bereiche mit in die Bewertung einfließen. Diese Art der Aufarbeitung entspricht den Anweisungen der Amtlichen Sammlung § 35 LMBG

7 SUMMARY

Results of the microbiological analysis as impacted by sampling technique from Salami type sausage

Uta Paulat

This investigation offers a contribution to the reflection of laboratory techniques on the basis of data relating to the distribution and the spectrum of microorganisms in a selected meat product (dry fermented sausage). The emphasis lay on the investigation of the sampling procedure in the laboratory.

The following questions should be answered

Is the microbial content of samples gained at different localisations representative of the microbial distribution in the whole product, or is the distribution of microorganisms in the product uneven?

Besides, reference methods according to the Amtliche Sammlung § 35 LMBG were included in the investigation.

20 dry fermented sausages of the type "Salami" were investigated in the course of two experimental designs, 10 sausages per each design

In the course of the first experimental design 18 samples of 10 g were taken per product at different localisations. For this purpose the products were divided into 6 segments of the same size. Samples were taken in each segment in the centre, the intermediate space and at the margin

In the course of the second experimental design 12 samples were taken per product. Each sausage was divided into two parts. 200 g of one part were homogenized according to the Amtl. Sammlung § 35 LMBG. Out of this homogenous material 3 samples of 10 g were taken. The other part was divided into 3 segments and samples were taken according to the first experimental design in the centre, the intermediate space and the margin

On the whole 300 samples were investigated

The determination of the aerobic plate count was carried out using the pouring technique on plate-count-agar and the spreading technique on blood-agar respectively. For the determination of the genera *Staphylococcus* and *Lactobacillus* the spreading technique on Baird-Parker-Agar and the pouring technique on MRS-Agar were used respectively. Representative colonies from blood agar and the selective media were closer differentiated

The statistical evaluation was carried out using the computer programme „SAS“ (statistical analysis system)

Parallel to this it was investigated how far the results derived from selective media and non-selective media were comparable

The comparison of the media showed that more microorganisms could be found on blood agar than on the selective media and Plate-Count-Agar. The difference between blood agar and MRS agar was greater than the difference between blood agar and BP agar and again this difference was greater than the difference between blood agar and PC.

There was no significant difference in the microbiological distribution between the two ends of the sausages (horizontal comparison)

In addition there was no significant difference in the aerobic plate count between the central regions (centre/intermediate space) whereas the aerobic plate count at the margin was significantly lower (vertical comparison).

The number of microorganisms in the samples of the homogenous material lay between those derived from the central regions and the margin. They were more homogenous than those of the single samples.

The following conclusions can be drawn:

In order to determine the average microbial content in a product the central regions should be homogenized together with the margin and subsequently processed

It does not matter which segment is used for this purpose. The lower number of microorganisms at the margin should be taken into account.

Alternatively it is possible to homogenize and process the whole product in order to get the most representative description of the microbiological content of the product since the microbiological contents of all regions are included in that result

This kind of processing is in accordance with the directions of the Amtliche Sammlung § 35 LMBG.