

Abstracts der Poster

P-02

**CHARAKTERISIERUNG UND
IDENTIFIZIERUNG VON
ENTEROBAKTERIEN STÄMMEN ISOLIERT
AUS READY-TO-EAT SALATEN**

Zant, Esther; Schulz, Patrick; Becker, Biserka;
Huch, Melanie

Institut für Sicherheit und Qualität bei Obst und
Gemüse, Max Rubner-Institut, Haid-und-Neu-Str. 9,
79131 Karlsruhe, Deutschland

Ready-to-eat Salate sind Lebensmittel, welche
direkt für den menschlichen Verzehr vorgesehen
sind. Da weitere Verarbeitungsschritte wie z.B.
Erhitzen nicht stattfinden, werden auch die auf
dem Produkt vorhandenen Mikroorganismen
nicht reduziert. Die Bedeutung von Ready-to-
eat Salaten hat in den letzten Jahren zugenom-
men, zum einen durch die wachsende Nachfra-

ge der Verbraucher nach mehr Produkten und
einer größeren Vielfalt, zum anderen auch im
Hinblick auf ihre mikrobielle Belastung. Ready-
to-eat Salate können sowohl mit Verderbs- als
auch mit für den Menschen pathogenen Mikro-
organismen besiedelt sein.

In dieser Studie wurden 220 Gram-negative
Bakterienstämme aus insgesamt 25 verschiede-
nen Ready-to-eat Salat-Proben von VRBD Agar
isoliert. Eine phänotypische Unterscheidung
von Pseudomonaden (69,1% der Isolate) und
Enterobakterien (30,9% der Isolate) erfolgte
aufgrund einer positiven Katalase- und negati-
ven Oxidase-Reaktion. In dieser Studie wurden
insgesamt 68 Enterobakterien-Stämme mittels
biochemischer und molekularer Methoden nä-
her charakterisiert und identifiziert. Zunächst
wurde eine RAPD-PCR mit dem Primer M13
durchgeführt, um klonal verwandte Stämme zu
detektieren. Unter den 68 isolierten Enterobak-
terien-Stämmen wurden fünf Stämme als Klone
identifiziert. Die Charakterisierung der Entero-
bakterien-Isolate auf Speziesebene erfolgte
sowohl phänotypisch mittels API®/ID32E und
BIOLOG GENIII-Systems, als auch molekularbio-
logisch mittels rep-PCR mit dem Primer GTG5.
Weiterhin wurden auch die Housekeeping Gene
atpD (codiert für F-ATPase β -Untereinheit) und
16S rRNA sequenziert. Aufgrund dieses poly-
phasischen Ansatzes konnte der Großteil der
Isolate (85,3%) der Gattung *Rahnella* zugeord-
net werden, insbesondere der Spezies *Rahnella*
aquatilis. Weitere Isolate (11,8%) wurden als
Erwinia aphidicola, *Erwinia persicina* und
Erwinia rhapontici identifiziert. Nur 2 Stämme
(2,9%) wurden als *Pantoea agglomerans* identifiziert.
Rahnella spp. und *Pantoea* spp. sind opportu-
nistische Krankheitserreger beim Menschen und
können insbesondere bei immunsupprimierten
Personen zu Krankheiten führen.

16. Fachsymposium Lebensmittelmikrobiologie
der VAAM und DGHM Fachgruppen,
Hauptprogramm [Abstracts].
Stuttgart Hohenheim, 30.03.-01.04.2016, S. 51-52