

68. Öffentliche Hochschultagung am 1. Februar 2018
“Landwirtschaft und Ernährung im Spannungsfeld zwischen
Umwelt, Gesellschaft und Politik“

Mikrobielle Risiken pflanzlicher Frischeprodukte

Jan Kabisch, Gregor Fiedler, Gyu-Sung Cho und Charles Franz
Max Rubner-Institut (MRI), Bundesforschungsinstitut für Ernährung und Lebensmittel,
Institut für Mikrobiologie und Biotechnologie, Hermann-Weigmann-Str. 1, 24103 Kiel

Pflanzliche Frischeprodukte werden vom Verbraucher allgemein als frisch, gesund und sicher eingestuft. In den letzten Jahren haben Änderungen im Ernährungsverhalten der Verbraucher zu einer erhöhten Nachfrage nach verarbeiteten, fertigen Frischeprodukten, wie z.B. „fresh-cut“ Salaten geführt. Aufgrund der Verarbeitung ist jedoch zu erwarten, dass diese eine höhere Keimbelastung als unverarbeitete Produkte aufweisen. Der Ausbruch mit enterohämorrhagischen *Escherichia coli* (EHEC) in Norddeutschland 2011, der möglicherweise in Verbindung mit dem Verzehr von Sprossen aus Bockshornkleesamen in Verbindung stand, machte deutlich, dass der Verzehr von pflanzlichen Frischeprodukten gelegentlich auch Risiken mit sich bringen kann. Ziel dieser Arbeit war es daher, pflanzliche Frischeprodukte auf dem norddeutschen Markt auf ihre mikrobiologische Qualität zu untersuchen.

Insgesamt wurden 321 Proben (u.a. Gurken, „fresh-cut“ Salate- und Mischsalate, Sprossen, Pilze, Karotten und Kräuter) auf Keimzahlen und Vorkommen pathogener Bakterien analysiert. Weiterhin wurden die Proben auf *Salmonella* Serovare, *Listeria monocytogenes* und Shigatoxinproduzierende *E. coli* (STEC) untersucht.

Insgesamt zeigten die Proben eine hohe mikrobielle Belastung, besonders bei den „fresh-cut“ Salaten und Sprossen wurden aerobe, mesophile Keimzahlen von 10^7 bis 10^9 Kolonie-bildenden Einheiten (KbE) pro Gramm nachgewiesen. Im Allgemeinen wurden aber nur wenige pathogene Keime isoliert. Unter den 321 Proben konnten somit nur ein *Salmonella* Sentes, drei *Listeria monocytogenes* und zwei STEC Stämme isoliert werden. *Staphylococcus aureus* war in vier Proben nachweisbar. Die Proben wurden zusätzlich auf das Vorkommen von antibiotikaresistenten Bakterien untersucht, und einzelne Tetrazyklin-resistente Bakterien konnten aus Proben der verschiedenen Produktgruppen isoliert werden. Diese Bakterienstämme zeigten häufig weitere, multiple Antibiotikaresistenzen. Die Bakterien wurden mit genotypischen Methoden als *Citrobacter freundii*, *Enterobacter ludwigii*, *Enterobacter cloacae*, *Serratia marcescens* und *Escherichia coli* identifiziert. Weiterhin konnten *Klebsiella pneumoniae*- und *Escherichia coli*-Stämme mit hoher Cefotaximresistenz und „extended spectrum“ Betalaktamasegenen aus Sprossen isoliert werden. Die Genome von etwa 20 antibiotikaresistenten Stämmen wurden komplett sequenziert und bioinformatisch auf das Vorkommen von Antibiotikaresistenzgenen analysiert. Die Ergebnisse bestätigen, dass antibiotikaresistente Bakterien nicht nur in tierischen sondern auch in pflanzlichen Lebensmitteln vorkommen können.