EFFECTS OF NATIVE FOOD MICROFLORA ON THE ENRICHMENT OF YERSINIA SPP.



Projektträger:
AIT Austrian Institute of Technology

Wissenschaftliche Leitung:
Tanja Kostic

Forschungsfeld:
Lebensmittelsicherheit

Förderinstrument: Projekte Grundlagenforschung

Projekt-ID: LS13-006

Projektbeginn: 01. Oktober 2014

Projektende: folgt

Laufzeit: 36 Monate / beendet

Fördersumme: € 247.000,00

Kurzzusammenfassung:
Lebensmittelvergiftungen sind noch immer eine der Hauptursachen von Morbidität und Mortalität weltweit. Die schnelle, sensitive und zuverlässige Detektion von Krankheitserregern ist wichtig, um hochqualitative Lebensmittel zu gewährleisten und somit Lebensmittelinfektionen vorzubeugen. Herkömmliche Verfahren zur Anreicherung, Isolierung und Identifizierung von Krankheitserregern beruhen auf Kultivierungsmethoden. Doch im Falle von Y. enterocolitica gibt es klare wissenschaftliche Beweise für die unzureichende Effizienz der herkömmlichen Verfahren. Die Europäische Behörde für Lebensmittelsicherheit (EFSA) veröffentlichte ein wissenschaftliches Gutachten über die Überwachung und Identifizierung von humanenteropathogenen Yersinia spp. mit der Empfehlung, dass "Bemühungen auf EU-Ebene gemacht werden sollten, um die aktuellen Methoden zur Isolierung von Y. enterocolitica zu verbessern und ein besseres und standardisiertes Y. pseudotuberculosis Isolierungsmedium zu entwickeln".
Unsere Hypothese ist, dass die Anreicherung und damit verbundene Detektionseffizienz von Yersinia spp. durch die native Mikroflora im Lebensmittel signifikant beeinflusst wird. Das bessere Verständnis der Zusammensetzung der nativen Mikroflora und die mikrobielle Ökologie der Anreicherungsprozesse stellen die essentielle Basis für die Entwicklung von effizienteren Anreicherungs- und Nachweismethoden dar.
Das Ziel des Projektes ist, die Auswirkungen der nativen Lebensmittel-Mikroflora auf die Anreicherungseffizienz und Detektionswahrscheinlichkeit von Yersinia spp. aufzuzeigen. Zu diesem Zweck werden sowohl mikrobiologische (d.h. auf Kultivierung basierende) als auch molekularbiologische (Sequenzierung, qPCR) Methoden genutzt. Die Anreicherungseffizienz von Yersinia spp. aus verschiedenen künstlich kontaminierten Lebensmittelmatrizes, die als potenzielle natürliche Yersinienherde bekannt sind, wird bestimmt. Anschließend werden Lebensmittelmatrizes mit einer jeweils stark bzw. wenig hemmenden nativen Mikroflora identifiziert, welche mittels Hochdurchsatz-Sequenzierungstechnologie charakterisiert wird. Außerdem wird die zeitliche Dynamik der Anreicherungsprozesse statistisch festgehalten.
Der erhaltene Einblick in die Anreicherungsökologie von Yersinia spp. soll die Grundlage für die erforderliche Entwicklung von verbesserten Anreicherungsformeln liefern. Darüber hinaus können die im Rahmen dieses Projektes neuentwickelten Methoden (z.B. markierte Yersinia spp. Stämme, Protokolle für Hochdurchsatz-Sequenzierung) für die Bearbeitung von anderen verwandten Fragestellungen herangezogen werden.

Schlüsselbegriffe:
Y. enterocolitica, Y. pseudotuberculosis, food safety, microbial ecology, microflora