AP 1: Status-quo – Erhebung der Rohmilchmikrobiota

A. Siebert[1], L. Staib[1], E. Doll[1], G. Fiedler[2], C. Böhnlein[2], S. Scherer[1] und M. Wenning[3]

[1] Lehrstuhl für Mikrobielle Ökologie, ZIEL - Institute for Food & Health, Technische Universität München, 85356 Freising

[2] Max Rubner-Institut, Bundesforschungsinstitut für Ernährung und Lebensmittel, 24103 Kiel

[3] Bayrisches Landesamt für Gesundheit und Lebensmittelsicherheit, 85764 Oberschleißheim

Gefördert durch:
Bundesministerium für Ernährung und Landwirtschaft
ptble Projektträger Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung
aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages

Analyse des Rohmilchmikrobioms - Methode

Abb. 1: Schematische Darstellung des Prozesses zur Erhebung / Analyse der Rohmilchmikrobiota.

Rohmilch und Hofparameter

BactoCount™ BENTLEY INSTRUMENTS
Zellzahlbestimmung zur quantitativen Mikrobiomanalyse (Verrechnung mit sequenzierter Abundanz jeder Gattung)

Extraktion bakterieller DNA aus Rohmilch

Amplicon Sequenzierung und Datenanalyse

Zusammensetzung der Rohmilchmikrobiota
in Abhängigkeit von…

…Art der Erzeugung (konventionell vs. ökologisch)
…Tierhaltung
…Melksystem und Euterhygiene
…geographische Lage
…Saison

?

1. Datenerhebung

- Verteilung einzelner Gattungen in deutscher Rohmilch
- Auswahl von Gattungen bzw. Keimgruppen
  ...mit Potential für Produktverderb
  …mit hygienischer Relevanz

2. Korrelationsanalysen

- Berechnung von Korrelationen zwischen Abundanz / Quantität einzelner Gattungen bzw. Keimgruppen und hofseitigen Faktoren

Datenerhebung / Quantitative Mikrobiomanalyse - Erste Ergebnisse

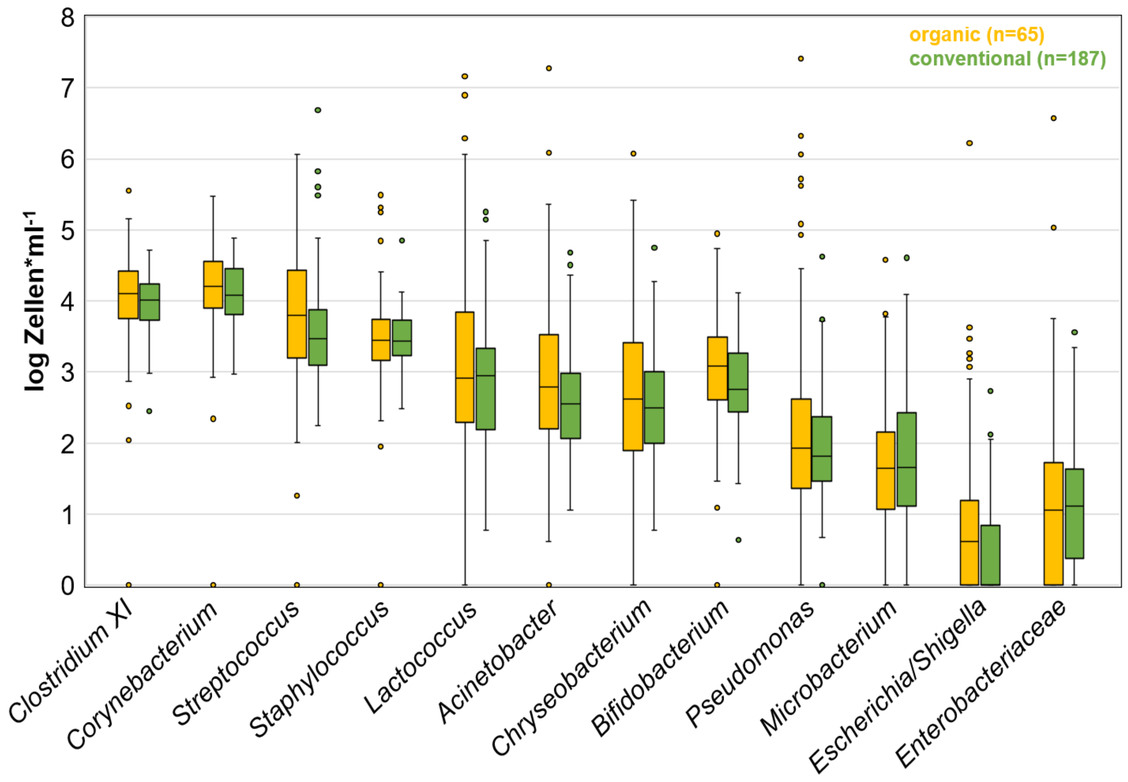

Abb. 2: Absolute Zellzahlen (Zellen*ml^{-1} Rohmilch) einzelner Gattungen (exemplarisch mit hoher / mittlerer / geringer Keimzahl im Median) sowie der *Enterobacteriaceae* detektiert in konventioneller und ökologischer Rohmilch.

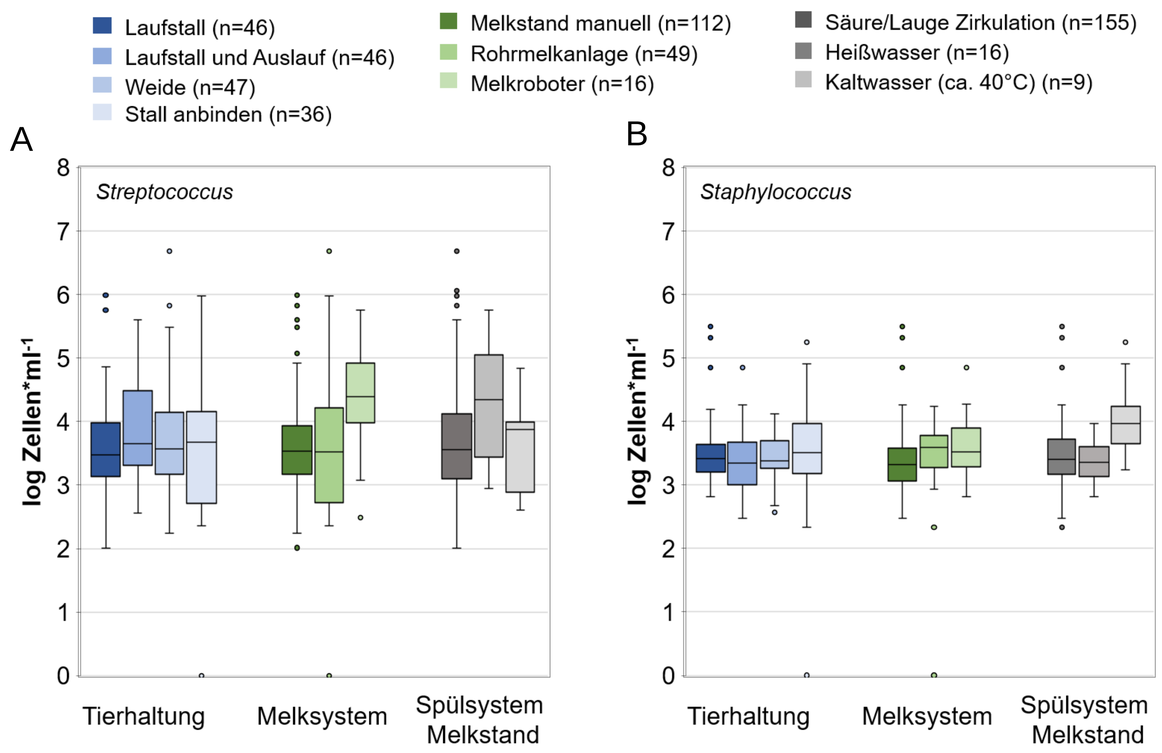

Abb. 3: Absolute Zellzahlen (Zellen*ml^{-1} Rohmilch) der Gattungen *Streptococcus* (A) und *Staphylococcus* (B) in Bezug auf hofseitige Faktoren.

- *Acinetobacter* spp., *Lactococcus* spp., *Pseudomonas* spp.:
  - größte Streubreite mit Keimzahlen <10 bis >10^7 Zellen*ml^{-1}
  - *Acinetobacter* spp. und *Pseudomonas* spp.: assoziiert mit frühzeitigem Produktverderb → heterogene Verteilung der Rohmilchqualität
- *Enterobacteriaceae* inkl. *Escherichia/Shigella* spp.:
  - überwiegend geringe Keimzahlen mit <10 /<100 Zellen*ml^{-1} im Median
  - Hinweis auf guten Hygienestandard bei der Milchproduktion

- Spezies der Gattungen *Streptococcus* spp. und *Staphylococcus* spp. sind mit der Euterentzündung Mastitis assoziiert
  - Indikatorkeime für Hygiene
- Streptokokken zeigen insgesamt eine breitere Streuung (bis ~10^6 Zellen*ml^{-1}) als die Staphylokokken (bis ~10^5 Zellen*ml^{-1})
- Faktoren wie z.B. das Melksystem oder die Reinigung des Melkstandes könnten einen Einfluss auf die Prävalenz von *Streptococcus* und *Staphylococcus* haben (vorläufige Ergebnisse!)

Ausblick:

- Rohmilch-Probenahme bis Herbst 2020 (Süden, TUM) und Juni 2021 (Norden, MRI)
- Sequenzierung und Analyse von Rohmilchproben zur Erweiterung des Datensatzes (insgesamt ~1000 Proben Süden und ~1500 Proben Norden)
- Korrelationsanalysen zur Aufdeckung determinierender Einflussfaktoren