

Uniwersytet Weterynaryjny w Koszycach, Słowacja,

*Państwowy Instytut Weterynaryjny, Dolny Kubín, Słowacja,

**Instytut Eksperymentalnej Medycyny, St-Petersburg, Rosja,

***Neuroimmunologiczny Instytut SAV, Bratysława, Słowacja

TKÁČIKOVÁ Ľ., KANTÍKOVÁ M.*, DMITRIEV A.***, MIKULA I.***

*Zastosowanie metod genetycznych do oceny kontroli występowania *Listeria monocytogenes* w produktach spożywczych*

Use of the genetic methods to evaluate the control of *Listeria monocytogenes* in food

Do rodzaju *Listeria* zaliczono siedem gatunków, z których tylko *L. monocytogenes* jest uznana jako patogen. Zarazek ten często występuje jako zanieczyszczenie produktów spożywczych i jest przyczyną zachorowań o ciężkich objawach klinicznych, często o przebiegu śmiertelnym (Farber, Peterkin 1991, McLuchlin 1997). Identyfikacja *L. monocytogenes* w pokarmach i przetwórnictwach mleka wg Baloga i Harlandera 1991, Boerlina i wsp. 1995, w powiązaniu z badaniami epidemiologicznymi wskazującymi podobieństwo izolatów *L. monocytogenes*, ma dużą wartość poznawczą dla tego problemu. W badaniach własnych porównano metodą elektroforezy pulsacyjnej w żelu (PFGE) i rybotypowania wyosobnione z przetwórnictwa mleka szczepy *L. monocytogenes*.

Użyte do badań szczepy zebrano w jednej z mleczarni w okresie 8 miesięcy. Błoczki zawierające DNA komórek do analizy metodą PFGE przygotowano wg metody Franciosa i wsp. 1998. Jako enzym restrykcyjny użyto *ApaI*, a pocięty DNA poddano rozdzielaniu w PFGE. Do rybotypowania użyto endonukleazę *EcoRI* trawiającą chromosomy i rrs genu kodującego 16S rRNA.

W badanych metodą PFGE 19 szczepach *L. monocytogenes*, po cięciu enzymem *ApaI* uwidoczniło 8 fragmentów DNA, co stanowiło i stanowi wg Olive i Bean 1999 dobry materiał do porównań także innych bakterii chorobotwórczych. W odniesieniu do szczepów własnych umożliwiło to podział na dwie grupy. Grupa pierwsza 7 szczepów zawierała zarazki wyosobnione z solanki i przetworzonych produktów. Wszystkie charakteryzował ten sam profil fragmentów restrykcyjnych *AI*. Druga grupa 12 szczepów, 11 wyosobnionych z surowego mleka i 1 z produktów mlecznych, charakteryzowała się 7 fragmentami *AII–AVIII*. Tak więc szczepy wyosobnione z różnych źródeł wykazywały zróżnicowanie, za wyjątkiem jednego wyosobnionego z surowego mleka.

Badania wskazują, że głównym źródłem zakażenia produktów mlecznych i solanki przez 8 miesięcy był ten sam klon *L. monocytogenes* charakteryzujący się profilem restrykcyjnym *AI*. Wydaje się, że klon ten pojawił się jako pierwszy w przygotowanym procesie solenia, zakażając wszystkie świeże partie produktów mlecznych przechodzących ten proces technologiczny.