

1. Einleitung

Zur Zyklusdiagnostik werden seit Jahren Vaginalabstriche aus der Scheidenschleimhaut der Hündin angefertigt. Anhand der dort vorkommenden Epithelzellen ist es möglich, eine Aussage über den Zyklusstand der Hündin zu machen.

Die Klassifizierung der verschiedenen Zellarten wird zur Zeit nach histologischen Kriterien vorgenommen. Dabei kann es jedoch durch den jeweiligen Untersucher zu unterschiedlichen Zuordnungen der Zellen zu den verschiedenen Zellarten kommen, da die Grenzen zwischen den verschiedenen Zellarten subjektiv gezogen werden bzw. es auch in der Literatur keine einheitlichen Grenzwerte gibt.

Auf diese Schwierigkeiten der Reproduzierbarkeit weist auch Ehlers (2000) hin, da detaillierte Charakterisierungen der verschiedenen Zelltypen unzureichend sind.

Wenn man die Möglichkeiten hätte, die einzelnen Zellarten anhand verschiedener Merkmale genau zu definieren, könnten genaue Grenzen zwischen den einzelnen Zellarten angegeben werden. Dadurch wäre eine genauere und einheitliche Zuordnung der Zellen zu den einzelnen Zellarten möglich. Merkmale zur Differenzierung wären z. B. Fläche der Zelle, Größe der Zelle und des Zellkerns und Homogenität des Zellplasmas oder Zellkerns.

Sollten die Zellen anhand der o. g. Merkmale mit einer ausreichenden Sicherheit zu differenzieren sein, würde sich die Möglichkeit ergeben, Vaginalabstriche automatisch auszuzählen. Dieser Vorgang wäre in etwa mit dem automatischem Auswerten eines Blutausstriches in der Humanmedizin vergleichbar.

Ziel dieser Arbeit ist es, für den hier untersuchten Datenpool aus willkürlich ausgewählten Vaginalzellen Unterscheidungsmerkmale herauszufinden und Grenzen zwischen den einzelnen Zellarten des Datenpools zu definieren. Die Möglichkeit einer Übertragung auf die Grundgesamtheit muß gesondert überprüft werden.