

6 Zusammenfassung

Das Ziel der Arbeit war es, mögliche Unterschiede in den Variabilitäten von *S. aureus* bei Erstkalbinnen und Kühen und zu verschiedenen Probennahmezeitpunkten zu identifizieren. Des Weiteren sollte untersucht werden, ob von *S. aureus* Stämme existieren, die sich epidemiologisch ähnlich wie umweltassoziierte Erreger verhalten. Zuletzt wurde die Frage nach möglichen Risikofaktoren für eine *S. aureus* Infektion in diese Untersuchung mit einbezogen.

Es wurden Anfangsviertelgemelksproben von 359 Deutschen Schwarzbunten Kühen zum Zeitpunkt des Trockenstellens, vor dem ersten Melken nach der Abkalbung sowie in der ersten Woche post partum entnommen. Weiter wurden von 332 Erstkalbinnen vor dem ersten Melken nach der Abkalbung sowie in der ersten und vierten Woche post partum Anfangsviertelgemelksproben gewonnen.

Von den gefundenen 234 *S. aureus* Isolaten wurden 140 mittels Pulsfeld-Gelelektrophorese (Verdau mit *smal*) differenziert.

In der Herde wurden insgesamt drei klonale Gruppen gefunden (A, B, C), von denen jeweils auch klonale Untergruppen mit nah verwandten Stämmen vorkamen.

Es ließ sich weder insgesamt noch zu einem bestimmten Probennahmezeitpunkt ein Zusammenhang zwischen Vorkommen eines Stammes und Alter des Tieres (Erstkalbin oder Kuh) erkennen.

Der Verbreitungsmodus umweltassoziiertes Erreger der *S. aureus* Stämme liess sich in dieser Studie nicht beweisen, bestenfalls vermuten.

Euter-, Zitzen- und Zitzenkuppenform zeigten in dieser Studie keine Bedeutung als Risikofaktoren für eine *S. aureus* Infektion. Nur eine mittelgradige Hyperkeratose der Zitzenschleimhaut wies eine signifikant höhere Häufigkeit einer *S. aureus* Infektion auf.

Die mittlere somatische Zellzahl lag bei einer *S. aureus* Infektion sowohl auf Viertel- als auch auf Tierebene signifikant am höchsten.

Eine *S. aureus* Infektion zeigte in dieser Studie keine Auswirkungen auf mittlere Milchleistung sowie den mittleren Fett- und Eiweißgehalt der Milch.