

1 Einleitung

Infektionen mit aviären pathogenen *Escherichia coli* (APEC) verursachen das Krankheitsbild der Kolibazillose. Es handelt sich hierbei um eine akute Erkrankung des Geflügels, die sowohl als lokale als auch als systemische Infektionskrankheit abläuft und sich in einer Vielzahl unterschiedlicher Organveränderungen äußert (Abb. 1). Die Kolibazillose verursacht weltweit erhebliche wirtschaftliche Verluste in der Geflügelindustrie. Damit es zum Ausbruch der Erkrankung kommt, spielen neben den APEC auch die Umgebungs- bzw. Umweltbedingungen sowie die Konstitution des Geflügels eine Rolle [10].

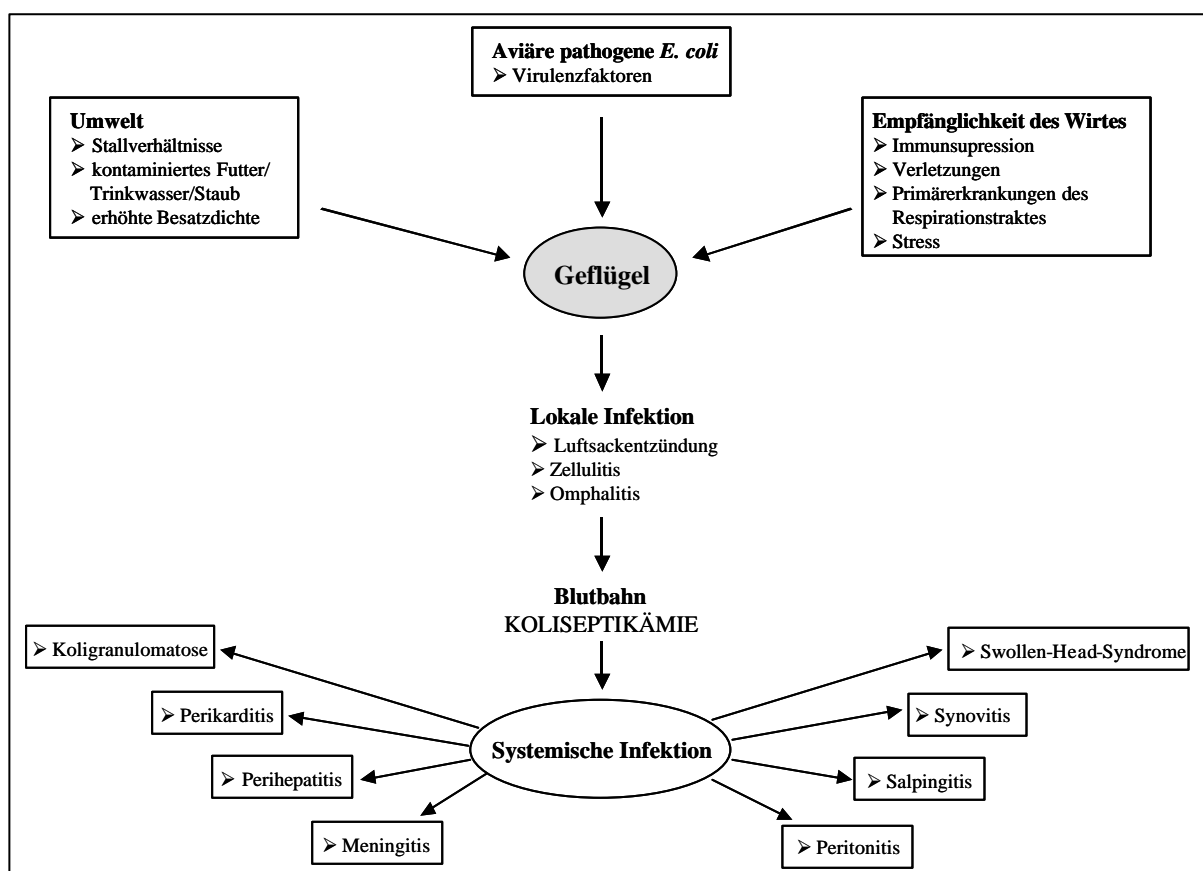


Abb. 1 Infektionsweg aviärer pathogener *E. coli* und Klinik der Kolibazillose

Ergebnisse der Serotypisierung aviärer pathogener *E. coli*, isoliert aus Organen der an Kolibazillose erkrankten und verendeten Tiere, belegen vor allem eine Bedeutung der Serovaren O1:K1, O2:K1 und O78:K80 für diese Infektionskrankheit [27]. Es wurden bereits Virulenzfaktoren beschrieben, allerdings herrscht über deren Vorkommen bei APEC sowie über deren Bedeutung in der Pathogenese weitestgehend Unklarheit.

Um nähere Aufschlüsse über das Vorkommen sowie die Verteilung dieser Virulenzfaktoren zu erhalten wurden über einen Zeitraum von mehreren Jahren APEC-Wildtypstämme von den Organen verendeter Hühner und Puten von Geflügelbeständen isoliert, die regional über das ganze Bundesgebiet verteilt sind, z. T. auch aus Beständen außerhalb Deutschlands stammen. Die Isolate wurden serotypisiert und molekularbiologisch auf verschiedene Virulenzgene hin untersucht. Anschließend wurde mittels Makrorestriktionsanalyse die klonale Verwandtschaft der einzelnen Isolate bestimmt.

Mit dieser Arbeit wurden mehrere Ziele verfolgt. Zum einen sollten Aussagen über die Verteilung sowie Bedeutung der einzelnen Gene im Krankheitsgeschehen der Kolibazillose getroffen werden. Aufgrund dieser Ergebnisse sollte als diagnostisches Werkzeug eine Multiplex-Polymerase-Kettenreaktion etabliert werden, mit der es möglich ist, schnell und kostengünstig APEC-Isolate auf das Vorkommen der relevanten Virulenzgene zu untersuchen und somit als solche zweifelsfrei von den apathogenen *E. coli* zu differenzieren. Zum anderen sollte die Makrorestriktionsanalyse Hinweise auf evtl. Assoziationen zur regionalen Herkunft und Verteilung der Virulenzfaktoren sowie damit verbunden auf evtl. Zoonthronose-Erreger geben. Weiterhin sollte in Anbetracht der großen genetischen Variabilität von *E. coli*-Bakterien überprüft werden, inwieweit die Diagnostik mittels Serotypisierung überhaupt aussagekräftig ist. Diese erarbeiteten Daten sollten schließlich als Grundlage für phänotypische Analysen im Rahmen von Infektionsversuchen dienen, um neue Einblicke in die Pathogenese der Kolibazillose zu erhalten.