

1. Einleitung

Bei Vertretern der Ordnung *Chlamydiales* handelt es sich um obligat intrazelluläre Bakterien, die einen einzigartigen Vermehrungszyklus aufweisen und sich durch Parasitismus eukaryontischer Zellen auszeichnen. In den letzten 30 Jahren wurden einige neue Spezies beschrieben, bzw. Serovare eingeführter Spezies als eigene Spezies in der Ordnung *Chlamydiales* eingegliedert. Nach heutigem Kenntnisstand weisen Mitglieder der *Chlamydiales*, mehr als 80% Sequenzidentität im 16S rRNA Gen und/oder 23S rRNA Gen auf (Everett *et al.*, 1999).

Chlamydien, die weltweit ubiquitär vorkommen, sind ätiologisch an der Entstehung vielfältiger, klinisch apparenter sowie inapparenter Infektionen bei Mensch und Tier beteiligt. Sie verursachen schwerwiegende Erkrankungen des respiratorischen, gastrointestinalen, reproduktiven und kardiovaskulären Organsystems, aber auch Konjunktivitis, Arthritis und Enzephalitis. Durch enorme Fortschritte der molekularbiologischen Methoden wurde die Beteiligung von Chlamydien an lange bekannten Erkrankungen nachgewiesen, wie z.B. der Arteriosklerose. Geringe Sensitivität der jahrelang angewendeten diagnostischen Methoden, Diversität der *Chlamydia*-assoziierten Erkrankungen und eine geringe Wirtsspezifität der einzelnen Spezies, die für das Vorkommen von Zoonosen in dieser Ordnung verantwortlich ist, führen dazu, dass wenig über das tatsächliche Ausmaß der vorhandenen, vor allem der latent verlaufenden, Infektionen bei Tier und Mensch bekannt ist.

Beim Schwein findet man in der konventionellen Produktion einen hohen Prozentsatz an infizierten, insbesondere latent infizierten Tieren. Diese epidemiologische Situation ist von besonderer Bedeutung, denn das Habitat Darm stellt die Ansteckungsquelle für andere Organsysteme, andere Tiere sowie den Menschen dar.

Ziel der Arbeit war, zum Einen bei Ferkeln *Chlamydia*-positiv getesteter Muttersauen den Einfluss der Fütterung eines probiotischen *Enterococcus faecium* Präparates auf die Neubesiedelung des Darms mit Chlamydien zu untersuchen. Hierfür wurden konventionelle und moderne molekularbiologische Methoden des Chlamydiennachweises verglichen, sowie die Evaluierung der Fluoreszenz-*in-situ*-Hybridisierung am Gewebe durchgeführt.