

## 1 Einleitung

Bei der Vielzahl der *Escherichia coli*-Stämme handelt es sich um im Darmtrakt vorkommende, in erster Linie nicht pathogene Bakterien.

Infektionen mit pathogenen *E. coli* spielen aufgrund ihres häufigen Vorkommens und der großen wirtschaftlichen Verluste durch Todesfälle und Kümern insbesondere in der industriellen Schweineaufzucht eine große Rolle. Durch hohe Besatzdichten herrscht in konventionellen Schweinehaltungsbetrieben ein großer Keimdruck, der oft durch Mängel im Aufstellungs- und Desinfektionsmanagement verstärkt wird. So kommt es insbesondere in den Lebensabschnitten der Tiere, die mit einer Suppression des Immunsystems einhergehen, so in der ersten Lebenswoche und zum Zeitpunkt des Absetzens, zu Ausbrüchen mit einer teilweise dramatisch verlaufenden klinischen Symptomatik.

Die Diagnostik der *E. coli*-Stämme erfolgt in erster Linie auf mikrobiologischem und serologischem Wege. Seit einigen Jahren treten zunehmend molekularbiologische Methoden zum Nachweis und zur Differenzierung der Stämme in den Vordergrund. Das Augenmerk richtet sich auf die Ausstattung mit Pathogenitätsfaktoren, weil eine reine Serotypisierung aufgrund der genetischen Heterogenität der Serovaren zunehmend unbefriedigender wird. Mithilfe der Polymerase-Ketten-Reaktion (PCR) ist es möglich, auch geringe Mengen gesuchter DNA-Sequenzen aus einer Probe zu vermehren und so nachzuweisen. Die Sichtbarmachung der Amplifikate durch Auftrennung in der Agargelelektrophorese oder durch Hybridisierung mit markierten DNA-Sonden sind mittlerweile Standardverfahren der Molekularbiologie.

Ziel dieser Arbeit ist es, ein PCR-Verfahren zu entwickeln, das einen schnellen qualitativen Überblick über in einer Probe enthaltene *E. coli* Pathogenitätsfaktoren erlaubt. Es soll an *E. coli*-Isolaten evaluiert und auf direkt aus Mucosa extrahierte DNA erweitert werden. Zur Evaluierung dient als Fallstudie ein an Durchfall erkranktes Absetzferkel, sowie eine Stallstudie, in deren Verlauf *E. coli* Isolate gewonnen und untersucht werden. Die PCR findet zusätzlich auf aus Mucosa extrahierte DNA von Ferkeln aus einer Kontrollgruppe und einer Versuchsgruppe mit einer Probiotikum-Zulage Anwendung.