

## 6. Zusammenfassung

Die Dermatitis digitalis (DD) des Rindes ist eine wirtschaftlich bedeutende chronische Klauenerkrankung. Neben den bei dieser Mischinfektion typischerweise vorkommenden anaeroben Keimen wie *Porphyromonas* spp. oder *Prevotella* spp. sind ebenfalls verschiedene *Treponema* spp. in großer Anzahl in erkrankten Klauenbereichen vorhanden, so dass diesen Keimen ebenfalls eine Mitbeteiligung in der Pathogenese der DD zugesprochen wird.

Gegenstand dieser Arbeit war es daher, einerseits die Diversität und mögliche Mitbeteiligung von *Treponema* spp. bei der Dermatitis digitalis des Rindes zu validieren. Weiterhin sollte ein möglicher Infektionsweg beteiligter *Treponema* spp. über den Gastrointestinaltrakt des Rindes aufgezeigt werden, da dieser immer noch ungeklärt ist. Untersucht wurden hierzu 58 Biopate aus erkrankten Klauen sowie Kot- und Pansensaftproben. Neben der konventionellen Anzucht kamen insbesondere die molekularen kulturunabhängigen Nachweisverfahren DNA-DNA Dot blot-Hybridisierung sowie die Fluoreszenz *in situ*-Hybridisierung (FISH) zur Anwendung.

In Rahmen der konventionellen Anzucht konnten charakteristischerweise *Porphyromonas levii* in 80%, *Prevotella* spp. in 72%, weitere *Porphyromonas* spp. in 52% sowie *Bacteroidaceae* spp. in 28%, der Biopateproben neben anderen Anaerobiern am häufigsten nachgewiesen werden. Auch konnten 7 identische *Treponema*-Isolate angezüchtet werden, die nach Genotypisierung basierend auf der 16S rDNA-Analyse die größte Übereinstimmung mit *Treponema socranskii* aufwiesen.

Mittels der DNA-DNA Dot blot-Hybridisierung konnten die *Treponema*-Phylotypgruppe TRE I in 47, die Phylotypgruppe TRE II in 45, die Phylotypgruppe TRE IV in 45 sowie der Phylotyp DDKL-4 in 53 und DDKL-12 ebenfalls in 53 der Biopateproben nachgewiesen werden. Nicht nur der Umstand, dass die Phylotypgruppen TRE I, II, IV sowie die Phylotypen DDKL-4 und DDKL-12 detektiert werden, sondern auch das gleichzeitige Vorkommen von bis zu 5 der genannten *Treponema*-Gruppen in derselben Probe belegt den hohen Grad der Diversität von Treponemen im Rahmen der DD. Die Ergebnisse der FISH untermauern die mögliche pathogenetische Bedeutung von Treponemen, denn die Phylotypgruppen TRE I, II, und IV und der Phylotyp DDKL-4 konnten innerhalb der Epidermis nachgewiesen werden. Zudem stellten Treponemen einen Grossteil der insgesamt im Gewebe vorkommenden Bakterienpopulation dar.

Ein Nachweis der in den Biopaten vorkommenden Treponemen in Kot- und Pansensaft gelang hingegen nicht. Allerdings könnte dies durch die geringe Nachweisempfindlichkeit von mindestens  $3 \times 10^6$  Keime/250 mg Faeces bedingt sein, so dass es weiter ungeklärt bleibt,

ob der Gastrointestinaltrakt des Rindes das Habitat und somit Infektionsquelle der bei der DD mitbeteiligten Treponemen ist. Deshalb müssen weitere Untersuchungen zur Aufklärung der *Treponema*-Infektionsquelle durchgeführt werden.