

1 Einleitung

Pasteurella- und *Mannheimia*-Spezies haben weltweit Bedeutung als bakterielle Infektionserreger zahlreicher Erkrankungskomplexe bei einer Vielzahl von Wild- und Haustieren, beim Geflügel und auch beim Menschen. Sie weisen eine besondere Affinität zum Respirationsstrakt auf, den sie u. a. latent besiedeln, und verursachen als primär und sekundär pathogene Erreger in Abhängigkeit von der Wirtsspezies unterschiedliche Krankheitsbilder, die im Hinblick auf die veterinärmedizinischen Erkrankungen in der Regel mit hohen wirtschaftlichen Verlusten einhergehen (Übersicht s. [100, 101]).

Befasst man sich eingehender mit diesen beiden Bakteriengattungen werden zwei Sachverhalte immer wieder deutlich: die Problematik der konventionellen Diagnostik insbesondere von *Pasteurella*-Spezies, aber auch, zurückzuführen auf die in den letzten Jahren erfolgte Reklassifizierung des *Pasteurella haemolytica*-Komplexes, die von *Mannheimia*-Spezies, sowie die mangelnde Kenntnis der molekularen Biologie und somit der Pathogenesemechanismen dieser Bakterien. Der Nachweis und die Charakterisierung von *Pasteurella*-Spezies und *M. haemolytica* erfolgt heutzutage in erster Linie konventionell über die Kultivierung und Isolierung der Mikroorganismen mit anschließender Biotypisierung. Traditionelle Klassifizierungsmethoden, die auf phänotypischen Merkmalsausprägungen, wie Morphologie, Kohlenhydrat-Verstoffwechselung und serologischen Eigenschaften der Bakterien basieren, sind jedoch nicht nur zeit- und kostenintensiv, sondern weisen auch teilweise erhebliche Mängel bezüglich der Validität der Ergebnisse auf. So können Kultivierungsbedingungen die Ausprägung o. g. Merkmale derart beeinflussen, dass die Stabilität und Verlässlichkeit phänotypischer Methoden zur Stammidentifikation deutlich beeinträchtigt ist [50, 100, 101, 143]. Erfahrungen aus dem eigenen diagnostischen Labor bestätigen diese Problematik ebenso wie Gesprächsmittelungen von KollegInnen anderer diagnostisch tätiger Institutionen.

Erst in den letzten Jahren wurden grundsätzliche Fortschritte im Hinblick eines besseren Verständnisses der molekularen Biologie von *P. multocida* und *M. haemolytica* gemacht [143, 191]. Die Anwendung molekularer Methoden zur Identifizierung der Mikroorganismen ist jedoch in diagnostischen Laboratorien noch nicht weit verbreitet und zudem für die genannten Bakterien bei Weitem nicht hinreichend etabliert.

Nach einer umfassenden Übersicht zu Fragen der aktuellen Taxonomie, sowie zur Virulenz und Pathogenität von *Pasteurella*- und *Mannheimia*-Spezies im Literaturteil konzent-

rierte sich der experimentelle Teil dieser Arbeit aufgrund der oben geschilderten Problematik auf die Bearbeitung folgender Fragestellungen und Zielsetzungen:

- Etablierung molekularbiologischer Methoden für den Nachweis virulenzassoziierter Gene in *Pasteurella*-Spezies und –Subspezies sowie in *Mannheimia*-Spezies;
- Bestimmung der Prävalenz und der Kombination virulenzassoziierter Gene in *Pasteurella*-Spezies und –Subspezies sowie *Mannheimia*-Spezies bei einem Kollektiv an Isolaten unterschiedlicher tierartlicher Herkunft klinisch gesunder und kranker Wirtsorganismen;
- Untersuchung einer möglichen Assoziation zwischen dem Vorkommen bestimmter virulenzassoziierter Gene und dem Wirtsorganismus oder dem Gesundheitsstatus der Tiere;
- Überprüfung der Prävalenz der für *P. multocida* ssp. *multocida* beschriebenen virulenzassozierten Gene in Spezies aus der *Pasteurella sensu stricto*-Gruppe;
- Etablierung einer molekularbiologischen Methode zur Identifizierung und Charakterisierung von *P. multocida* und *M. haemolytica*; Schaffung eines aussagekräftigen Diagnostikums, das differenziert und charakterisiert.