

6. Zusammenfassung

Molekularbiologische Untersuchungen über *Mycobacterium avium –intracellulare* Komplex (MAIC) isoliert aus Schlachtschweinen und Wildtieren in Deutschland.

Gegenstand der vorliegenden Arbeit ist die labordiagnostische Untersuchung des Vorkommens von *Mycobacterium avium-intracellulare* Komplex (MAIC) bei Schlachtschweinen. Die Probennahme wurde in Form eine Querschnittsstudie durchgeführt. Die Ergebnisse durch Ziehl-Neelsen Färbung zeigen relativ niedrige Sensitivität im Vergleich zu kultureller Technik. In dieser Studie ist Ogawa der beste Nährboden für die erste Isolierung. Die Versuche mit Löwenstein-Jensen (LJ) und Stonebrink (S) sollten parallel durchgeführt werden, weil einige Stämme nur auf LJ und/oder S wachsen. Die Schweine aus einem „Öko“ Bestand zeigen etwa doppelt so hohe Prävalenzen (60.46%) wie die Schweine aus konventionellen Beständen (32.05%). Bei 29.66% waren mehr als ein Lymphknoten infiziert. Nach den Ergebnissen dieser Arbeit stellen mit Mykobakterien belastete Schweine, zumal da ein Prozentsatz der Tiere keine pathol.-anatomischen Veränderungen aufweist, eine mögliche Infektionsquelle für den Verbraucher.

Anhand der Untersuchung mit PCR wurde *Mycobacterium (M.) avium* ssp. *hominissuis* am häufigsten identifiziert gefolgt von *M.avium* ssp.*avium* und selten *M. intracellulare*.

Nach dem Ergebnis mit PFGE zeigen die *M. avium* ssp. *hominissuis*, die von Schlachtschweinen aus Essen (NI), Meiningen (TH) und Wildtiere aus Thüringen isoliert

wurden, die ähnliche molekulare Charakteristika wie die Rinderstämme aus Cloppenburg in Jahr 2000.

Dieses Ergebnis zeigt, dass PFGE für molekulare epidemiologische Studien über große geographische und zeitliche Räume besser geeignet ist.