

6. Zusammenfassung

Chlamydien sind obligat intrazelluläre Erreger, die als kausales Agens vielfältiger Erkrankungen bei Mensch und Tier bekannt sind. Epidemiologisch besonders relevant ist zudem der klinisch inapparent persistierende Keimträger. Diese Tiere werden in Folge der persistenten Infektion nicht nur zum Erregerreservoir für andere Tiere, sondern scheiden somit auch potentielle Zooanthroponoseerreger aus. Daher sind auf der einen Seite die gesicherte Diagnosestellung der Infektion auf speziesspezifischem Level und auf der anderen Seite eine reduzierte Neuinfektionsrate der Tiere mit Chlamydien von höchster Wichtigkeit.

In der vorliegenden Arbeit wurde der Darm als Habitat der Chlamydien, exemplarisch unter Zuhilfenahme von vier, sowohl konventionellen als auch modernen molekularbiologischen Methoden auf eine etwaige latente Chlamydieninfektion untersucht. Es kam die Anzucht des Erregers aus Fäzes und Mukosa mittels Zellkultur zum Einsatz. Dabei wurde eine speziesspezifische Polymerase-Kettenreaktion (PCR) auf Fäzes, Ileum- und Kolonmukosa angewandt. Um die tatsächliche Infektion der Tier zu beweisen, wurden die Verfahren der Immunhistochemie (IHC) und Fluoreszenz-*in-situ*-Hybridisierung (FISH) auf Proben des Dünn- und Dickdarms angewendet. Im Rahmen der FISH-Untersuchungen kam erstmalig ein hierarchisches Oligonukleotidsonden-Set am Gewebe zum Einsatz, um die Chlamydieninfektion des Darms darzustellen.

Grund der systematischen Untersuchungen war es, die Auswirkung der Fütterung mit dem probiotischen *Enterococcus faecium* NCIMB 10415 auf die natürliche Neuinfektion des Darms mit Chlamydien zu erfassen. Hierfür wurden die Untersuchungen vergleichend zwischen einer Kontrollgruppe und einer Gruppe (Probiotikagruppe), die mit dem *Enterococcus faecium* Präparat supplementiertes Futter bekam, durchgeführt. Zunächst wurde der Infektionsstatus der Muttersauen (n = 22) aus beiden Fütterungsgruppen erfasst, um dann Ferkel *Chlamydia*-positiver Muttersauen systematisch auf die Neuinfektion und die etwaigen Unterschiede in beiden Fütterungsgruppen zu untersuchen. Von fünf Muttersauen der Kontrollgruppe sowie der Probiotikagruppe wurden jeweils vier Ferkel zu den Terminen 14., 21., 35. und 56. Tag *post partum* auf eine Chlamydieninfektion untersucht.

In der untersuchten Population konventioneller Muttersauen konnte zu einem hohen Prozentsatz (73%) eine latente *Chlamydia suis* Infektion diagnostiziert werden. Ebenso konnte das hohe Ausmaß der vertikalen Neuinfektionsrate der Ferkel dargestellt werden. Es zeigten sich deutliche Unterschiede in der Infektionsrate der Ferkel im Vergleich beider Fütterungsgruppen. So waren 85% (17/20) der Ferkel aus der Kontrollgruppe im Gegensatz zu 60% (12/20) der Ferkel aus der Probiotikagruppe mittels PCR als *Chlamydia*-Träger

identifiziert worden. Diese Ergebnisse wurden durch die Darstellung einer höheren Infektionsrate des untersuchten Darmgewebes der Kontrollgruppe unter Verwendung der IHC und FISH bestätigt. Ebenso schien der Zeitpunkt der Infektion in der Probiotikagruppe verzögert.

Die Anzucht der Chlamydien mittels Zellkultur, zum Nachweis einer latenten Chlamydieninfektion des Darms, erwies sich nicht als sichere diagnostische Methode. Die angewandte speziesspezifische Nested-PCR mit der Detektionsgrenze von <1 „Inklusion-Forming-Unit“/ml (IFU/ml) war die sensitivste der angewandten Methoden. Im Vergleich der Verfahren zum Chlamydiennachweis im Gewebe zeigte sich, dass die FISH der IHC im Bezug auf die Nachweishäufigkeit fast gleichwertig war. Der Vorteil der FISH gegenüber der IHC bestand in der Möglichkeit mittels des hierarchischen Oligonukletidsonden-Sets zu einer Speziesdiagnose zu gelangen.