

## ZUSAMMENFASSUNG

Es werden sowohl die Möglichkeiten einer Identifizierung von Feldisolaten und deren Zuordnung zu bereits vorhandenen und bestimmten sogen. Referenzstämmen als auch die Erstellung taxonomischer Gruppen von tierpathogenen Krankheitserregern mittels gaschromatographischer Verfahren dargestellt. Die durchgeführten Arbeiten sind in dem besonderen Zusammenhang zu sehen, daß gerade durch schnelle Identifizierung und genaue Analyse von Bakterien-Feldisolaten dem Tierarzt und Anwender vor Ort ein Handwerkszeug in die Hand geben werden soll, das es ihm erlaubt die Fülle standortspezifischer Krankheitserreger in Gruppen einzuteilen und in der Zukunft besser und gezielt bekämpfen zu können. Angewendet wurden die Analysen auf den Gesamtanteil von Alkoholen sowie kurzkettigen Fettsäuren (Head-Space-Analysen) und von langkettigen Fettsäuren (FAME=Fettsäuremethylester) in den Bakterienzellen. Die Untersuchungen geben erstmals einen Einblick in die Zugehörigkeit von Clostridien-Feldstämmen aus Nordost-Mexiko zu bekannten Referenzstämmen oder deren Einordnung in Gruppen.

Zur Berechnung der Übereinstimmungen zwischen den einzelnen Isolaten wurden taxonumerische Verfahren mittels eines im Institut für Tropentierhygiene erstellten Computerprogramms "BIS" (Bacterial-Identification-System) eingesetzt. Mittels der Korrelationsberechnungen gelang es über 50% der erhaltenen Feldisolate Referenzstämmen zuzuordnen und 27% der Feldisolate in fünf verschiedene Gruppen einzuordnen. Es konnte gezeigt werden, wie auch in der Literatur beschrieben, daß die Gaschromatographie mit zu den verlässlichen und reproduzierbaren Methoden der Identifizierung bei Clostridien zählt.

Bei den angewandten Analysen handelt es sich einmal um Head-Space- und zum anderen um FAME-Analyse der Bakterienzellen. Da die Profile der untersuchten Fettsäuren und Stoffwechselprodukte genetisch determiniert sind, erhält man mit den Profilen einen spezifischen Fingerabdruck der jeweiligen Spezies.

Die gaschromatographische Analyse wurde mit zwei Verrechnungsverfahren bearbeitet und es wurden Ähnlichkeitsgruppen gebildet. Dabei wurde auch auf die Bedeutung des Aufbaus von Datenbanken und auf die Bedeutung einer geeigneten Datenstruktur in der taxonumerischen Differenzierung bei Clostridien eingegangen.