

1	Einleitung	1
2	Literaturübersicht	2
2.1	Mastitis der Rinder	2
2.1.1	Ursachen	3
2.1.2	Verlaufsformen und klinisches Bild.....	4
2.1.3	Mastitis als Bestandsproblem	5
2.2	Mastitiserreger	6
2.2.1	Umweltmastitiserreger	7
2.2.2	Kontagiöse Mastitiserreger.....	7
2.2.3	Minor-pathogene Mastitiserreger	9
2.3	S. aureus als Mastitiserreger	9
2.3.1	Taxonomie und genetische Untersuchungen	11
2.3.2	Bedeutung und Folgen von S. aureus im Bestand	23
2.3.3	Prophylaktische Maßnahmen	26
2.3.4	Therapiemöglichkeiten der S. aureus-Mastitis	27
2.3.4.1	Chemotherapeutika zur Therapie von S.aureus-Mastitiden	28
2.3.4.2	Einsatz von Schutzimpfungen gegen S.aureus-Mastitiden.....	30
3	Tiere, Material und Methoden	37
3.1	Versuchsbetrieb	37
3.1.1	Aktueller Status der Eutergesundheit und Klinik im Bestand.....	38
3.1.2	Historie bisher erfolgter Bestandssanierung	38
3.2	Erarbeitung eines Sanierungskonzeptes im Versuchsbetrieb.....	39
3.2.1	Entfernung therapieresistenter Tiere	40
3.3	Entnahme der Viertelgemelkspuren	40
3.4	Entnahme von Umweltproben	40
3.5	Zytobakteriologische Untersuchung der Viertelgemelkspuren	41
3.5.1	Vergleich unterschiedlicher Ausstrichverfahren	43
3.6	Bakteriologische Untersuchung der Umweltproben	43
3.7	Konservierung der S. aureus-Isolate	44
3.8	Auswahl weiterer in Hessen isolierter boviner S. aureus-Stämme.....	44
3.9	Phänotypische Identifizierung von S. aureus	45
3.9.1	Wachstum auf Blutagar	45
3.9.2	Nachweis der Plasma-Koagulase	46
3.9.3	Untersuchung mittels VITEK2	46
3.10	Genotypische Identifizierung des S. aureus	47
3.10.1	Polymerasekettenreaktion (PCR).....	47

3.10.1.1	DNA-Präparation	47
3.10.1.2	Durchführung der PCR.....	47
3.10.1.3	Agarosegelektrophorese.....	48
3.10.1.4	Ethidiumbromidfärbung	48
3.10.1.5	Untersuchung auf das Thermonuklease-Gen (nuc).....	48
3.10.1.6	Untersuchung auf das Koagulasegen (coa)	49
3.10.1.7	Untersuchung auf das Protein-A-Gen (IgG-bindende Region)	49
3.10.1.8	Untersuchung auf das Protein-A-Gen (Xr-Region)	50
3.10.1.9	Untersuchung auf das Protein-A-Gen (Xr-Region) für das spa-Typing	50
3.10.1.10	Untersuchung auf das meca-Gen.....	50
3.10.2	Makrorestriktionsanalyse der chromosomal DNA mittels Pulsfeldgelektrophorese (Pfge).....	51
3.10.2.1	Präparation und Restriktionsverdau der Gesamtzell-DNA.....	51
3.10.2.2	Pulsfeldgelektrophorese.....	52
3.10.2.3	Ethidiumbromidfärbung	53
3.10.2.4	Auswertung der Pfge-Muster	53
3.11	Staphylokokken-Protein-A (spa)-Typisierung.....	53
3.11.1	Vorbereitung der Amplifikate	53
3.11.2	Auswertung der Sequenzen.....	53
4	Ergebnisse	55
4.1	Viertelgemelksproben	55
4.1.1	Vergleich der verschiedenen Ausstrichverfahren.....	55
4.2	Umweltproben	57
4.3	Identifizierung des S. aureus	58
4.3.1	Phänotypische Identifizierung	58
4.3.1.1	Koagulasetests.....	58
4.3.1.2	Bestätigung durch VITEK2.....	58
4.3.2	Genotypische Identifizierung	59
4.3.2.1	PCR-Auswertung	59
4.3.2.2	Makrorestriktionsanalyse	61
4.3.2.3	spa-Typisierung aus dem Sanierungsbetrieb.....	66
4.3.2.4	spa-Typisierung aus weiteren in Hessen isolierten bovinen S. aureus- Stämmen	67
4.3.2.5	Zusammenfassung der genotypischen Untersuchungsergebnisse aus dem Sanierungsbetrieb.....	70
4.4	Anwendung des Sanierungskonzeptes.....	71
4.5	Entwicklung des Gesamtbestandes.....	71

5	Diskussion.....	73
5.1	S. aureus-Identifizierung	73
5.1.1	Phänotypische Verfahren.....	73
5.1.2	genotypische Verfahren.....	74
5.2	S. aureus-Differenzierung.....	74
5.3	Schlussfolgerung für den Gesamtbestand	78
6	Zusammenfassung	81
7	Summary	83
8	Literaturverzeichnis.....	85
9	Anhang	96
9.1	Tabellenverzeichnis	96
9.2	Abbildungsverzeichnis.....	96
9.3	Zuordnung der Tiere zu Pfge-Typen und Kodierung im Dendrogramm (Tabelle)	97
9.4	Verwendete Chemikalien und Geräte	99
10	Danksagung	102