

## 2.2 Taxonomie

In der bis 1999 angewandten Nomenklatur enthielt die Ordnung *Chlamydiales* eine Familie und diese eine Gattung mit vier Spezies (HERRING 1993):

Ordnung: *Chlamydiales*  
Familie: *Chlamydiaceae*  
Gattung: *Chlamydia*  
Spezies: *Chlamydia trachomatis*  
*Chlamydia psittaci*  
*Chlamydia pecorum*  
*Chlamydia pneumoniae*

Isolate von *C. pecorum* wurden bis 1992 der Spezies *C. psittaci* zugeordnet und als der vor allem für Rind und Schaf pathogene Serotyp 2 klassifiziert. FUKUSHI & HIRAI (1992) konnten durch DNA-Hybridisierungsuntersuchungen eine Homologie unter 20% nachweisen, was zur Etablierung einer neuen Spezies führte. Innerhalb der verbleibenden Spezies *C. psittaci* wurde jedoch immer noch eine sehr heterogene Gruppe von Erregern mit 12 Serovaren und verschiedenen Biovaren zusammengefasst. Unter den Isolaten von *C. psittaci*-Stämmen aus verschiedenen Wirtstieren konnten Verwandtschaftsgrade zwischen 30% und 93% ermittelt werden (STORZ & KALTENBOECK 1993). Dementsprechend wurde die Taxonomie nach einer phylogenetischen Analyse der 16S und 23S ribosomalen Ribonukleinsäure (rRNA)-Gene neu gestaltet (EVERETT et al. 1999a). In nachfolgenden Arbeiten wurde gezeigt, dass auch die Analyse der Genorte verschiedener Membranproteine, wie beispielsweise dem outer membrane proteinA (OmpA) und outer membran proteinB (OmpB), die neue Klassifizierung untermauert (EVERETT et al. 1999a).

Die Ordnung *Chlamydiales* enthält jetzt neben der ursprünglichen Familie *Chlamydiaceae* drei weitere Familien (*Parachlamydiaceae*, *Simkaniaceae*, *Waddliaceae*) (EVERETT 2000). In diesen werden unter anderem die so genannten „chlamydia-like“ Organismen oder „Umweltchlamydien“ eingeordnet; Vertreter der Familie *Parachlamydiaceae* infizieren vor allem Amöben, konnten aber auch aus humanen Nasentupfern und zahnmedizinischen Geräten isoliert werden (EVERETT 2000). *Simkania negevensis*, die bisher einzige Art der Familie *Simkaniaceae*, wird mit Pneumonie beim Menschen in Verbindung gebracht (EVERETT 2000). Innerhalb

der Familie *Chlamydiaceae* werden jetzt zwei Gattungen, *Chlamydia* und *Chlamydophila*, und neun Spezies unterschieden. Wie in Tabelle 1 zu sehen ist, gingen drei der fünf neuen Spezies aus *C. psittaci*, zwei aus *C. trachomatis* hervor. Die für Rinder klinisch relevanten Serovare von *C. psittaci* wurden alle der Gattung *Chlamydophila* zugeordnet. Das genitalpathogene *C. psittaci*-Serovar 1 wurde umbenannt in *Cp. abortus*. Das frühere Serovar 2 (*C. pecorum*) trägt nun den Namen *Cp. pecorum* (EVERETT et al. 1999a).

**Tabelle 1: Bisherige und neue taxonomische Einteilung der Familie Chlamydiaceae (SACHSE & GROßMANN 2002)**

Alte Spezies	Neue Spezies	Wirtsspezifität
<i>Chlamydia trachomatis</i>	<i>Chlamydia trachomatis</i>	Mensch
	<i>Chlamydia muridarum</i>	Maus, Hamster
	<i>Chlamydia suis</i>	Schwein
<i>Chlamydia psittaci</i>	<i>Chlamydophila psittaci</i>	Vögel, Wiederkäuer, Pferd, Mensch
	<i>Chlamydophila abortus</i>	Wiederkäuer, Schwein, Vögel
	<i>Chlamydophila caviae</i>	Meerschweinchen
	<i>Chlamydophila felis</i>	Hauskatze
<i>Chlamydia pecorum</i>	<i>Chlamydophila pecorum</i>	Wiederkäuer, Schwein, Koala
<i>Chlamydia pneumoniae</i>	<i>Chlamydophila pneumoniae</i>	Mensch, Koala, Pferd, Amphibien

Durch Anwendung neuerer molekularbiologischer Nachweismethoden finden sich bei Wiederkäuern eine Reihe verschiedener Chlamydienpezies ohne erkennbare Wirtsspezifität. Eine genauere Typisierung der aus Wiederkäuern isolierten, nach alter Taxonomie als *C. psittaci* bezeichneten Bakterien, erfolgte mittels PCR im Bereich zwischen den 16S- und 23S-rRNA-Genen und anschließender Charakterisierung durch Restriktionsfragment-Längenpolymorphismus (RFLP) PCR. Nach dieser, von EVERETT & ANDERSEN (1999) vorgeschlagenen Methode fanden sich unter 14 von Rindern stammenden Chlamydienstämmen, sechsmal die Spezies *Cp. psittaci*, fünfmal *Cp. abortus*, zweimal *Cp. pecorum* und einmal *Cp. felis*. Auch

bei 54 Proben von Schafen fanden sich diese vier Spezies, wobei *Cp. abortus* mit 47 Isolaten (87%) am häufigsten vertreten war. Die von Ziegen stammenden Chlamydien zeigten sich einheitlich als *Cp. abortus* (TYCZKA & JÄGER 2002). Aus Gründen der Übersichtlichkeit wird in den folgenden Abschnitten dieser Arbeit die allgemeine Bezeichnung „Chlamydien“ verwendet, ist jedoch eine eindeutige Zuordnung zur Gattung *Chlamydomphila* beschrieben, so wird diese auch verwendet.

### 2.3 Chlamydiose bei Rindern

Chlamydien lösen beim Rind eine Vielzahl verschiedener Erkrankungen aus, die einzeln oder auch zusammen auftreten können. Dabei stehen Infektionen durch *Chlamydomphila abortus*, *Chlamydomphila pecorum* und *Chlamydomphila psittaci* im Vordergrund (EVERETT 2000, DEGRAVES et al. 2004).

Vor allem *Chlamydomphila abortus* wird mit Fertilitätsstörungen bei Milchkühen in Verbindung gebracht und kann bei Aborten und Endometritiden nachgewiesen werden (WITTENBRINK & BISPING 1987). *Chlamydomphila pecorum* verursacht neben Encephalomyelitiden, Polyarthritiden, Pneumonien und Enteritiden auch Konjunktivitiden, Mastitiden und Aborte (ROLLE & MAYR 2002). Von *Chlamydomphila psittaci* sind acht Serovare bekannt, welche hauptsächlich aus Vögeln isoliert wurden. Die Serovare A und B bis D sind dabei als Erreger der Psittakose bzw. Ornithose wegen ihres Zoonosecharakters von besonderer Bedeutung. Beim Rind finden sich zwei Fallberichte über den Nachweis von *Chlamydomphila psittaci*, Serovar B, im Falle von Aborten (COX et al. 1998; POSPISCHIL et al. 2002). Der 1986 aus Lunge, Leber und anderen Geweben eines abortierten Rinderfetus isolierte Chlamydienstamm WSU 86-1044 wurde der Familie *Waddliaceae* zugeordnet und trägt als deren einziger Vertreter den Namen *Waddlia chondrophila* (RURANGIRWA et al. 1999).

Untersuchungen von Feldproben zeigen, dass neben klinisch manifesten Infektionen auch häufig symptomlose Chlamydieninfektionen in Rinderbeständen anzutreffen sind. Durch kulturelle Untersuchung des Genitaltraktes weiblicher Schlachtrinder konnten bei zehn von 60 Tieren (16,7%) Chlamydien isoliert werden (WITTENBRINK et al. 1988). Auch bei Bullen wurden latente Infektionen des Genitaltraktes beobachtet (JASKOWSKI & SADOWSKI 1980). WITTENBRINK et al. (1993) konnten durch Erregeranzüchtung aus 190 Rinderkotproben bei 22,1% der Tiere inapparente Darminfektionen nachweisen. Diese Tiere stellen eine ständige Infektionsquelle dar,

da sie über Monate bis Jahre Chlamydien mit dem Kot ausscheiden. Die fäkal-orale Übertragung wird deshalb als ein sehr wichtiger Infektionsweg von Chlamydien angesehen (GERBERMANN 1991, WITTENBRINK et al. 1988). Grundsätzlich ist beim Rind die fäkal-orale, aerogene und genitale Übertragung von Chlamydien beschrieben (HORSCH 1980). Da Chlamydien im Nebenhoden sowie in der Präputialschleimhaut von Bullen vorkommen und der Erreger aus Sperma von Besamungsbullen isoliert werden konnte, erscheint eine venerische Übertragung nicht ausgeschlossen (PEREZ-MARTINEZ & STORZ 1985b, TAENKUM et al. 2007, WITTENBRINK et al. 1988). Allerdings werden Kälber nicht mit Chlamydieninfektion geboren, sondern infizieren sich wahrscheinlich erst bei der Geburt oder während der ersten Lebenswochen (JEE et al. 2004).

Oft sind die Krankheitssignale bei Infektionen mit *Chlamydophila* spp. subtil und gehen nicht mit apparenten Krankheiten einher. Es herrschen latente Infektionen und zelluläre Abwehrvorgänge vor, die zu einer Infektionsimmunität führen können. Die ist nach HORSCH (1980) in dem sehr engen Wirt-Parasit-Verhältnis begründet, welches durch den Pantropismus und den intrazellulären Reproduktionszyklus seitens des Erregers bestimmt wird.

Trotzdem ist nach KALTENBOECK et al. (2005) der Gesundheitszustand einer gesamten Milchviehherde schwerwiegender betroffen als einzelne klinische Krankheitsbilder erkennen lassen. Ähnlich beschreiben auch JEE et al. (2004) die Infektion bei Milchvieh als eine Krankheit, die schwer erkennbar bei einem Einzeltier ist, aber den Gesundheits- und Fruchtbarkeitsstatus der gesamten Herde beeinflusst. Die bei der Milchkuh vorkommenden *Chlamydophila* spp. sind weder wirtsspezifisch noch organspezifisch (EVERETT 2000, DEGRAVES et al. 2004). Dieses erschwert sowohl die Interpretation der Befunde für Milchkühe als auch die epidemiologische Einschätzung. Vorliegende Untersuchungen zum potentiell zoonotischen Charakter von Chlamydiosen beim Rind sind teilweise alt und/oder basieren auf rein serologischen Daten (SACHSE et al. 2004).

### **2.3.1 Atemwegserkrankungen**

Erkrankungen des Respirationstrakts in Folge von Chlamydieninfektionen beim Kalb sind bereits seit den sechziger Jahren des zwanzigsten Jahrhunderts bekannt, wurden aber vergleichsweise wenig untersucht.

Respiratorische Erkrankungen stellen in der Aufzucht junger Kälber und auch bei jungen Schweinen ein ernstzunehmendes Problem dar (JÄGER et al. 2007, REINHOLD et al 2005 und 2008). Gesundheitliche Auswirkungen subklinischer chlamydialer Infektionen im Respirationstrakt junger Tiere, die zum Kümern und zu mangelhafter Entwicklung führen, können verheerende Einflüsse auf den Viehbestand und enorme ökonomische Verluste in der Jungtieraufzucht haben (KALTENBOECK et al. 2005).

Das sporadische Auftreten monokausaler respiratorischer Erkrankungen ist eher selten, vielmehr wird der broncho-pneumonische Erkrankungskomplex bei Kälbern und Schweinen durch multifaktorielle Ursachen dominiert. Die Vielfältigkeit dieses Erkrankungskomplexes ergibt sich aus den verschiedensten Faktoren, die am Krankheitsbild in unterschiedlichen Kombinationen beteiligt sind. Zu den beeinflussenden Faktoren zählen (a) die direkte Umgebung der Tiere und die entsprechenden Haltungsbedingungen (abiotische Faktoren), (b) prädisponierende Faktoren seitens der Tiere (speziesspezifische Besonderheiten in der Struktur und Funktion der bovinen und porcinen Lunge) und (c) verschiedenste virale und bakterielle Erreger.

Im internationalen Schrifttum gibt es Angaben über *Chlamydiaceae*, die für respiratorische Erkrankungen bei Haustieren verantwortlich sind (STORZ & KALTENBOECK 1993, ROGERS et al. 1996). Verschiedene unspezifische klinische Anzeichen respiratorischer Chlamydieninfektionen bei unterschiedlichen Spezies sind unter der Allgemeindiagnose „Pneumonie“ dokumentiert. Klinische Anzeichen für eine Chlamydienpneumonie beim Kalb sind Fieber, Depression, Nasenausfluss (mukös, serös, mukopurulent), trockener Husten und Dyspnoe sowie die Bildung von Lungenläsionen, die in der Praxis oft erst bei der Schlachtung erkannt werden (STORZ & KALTENBOECK 1993). Jedoch müssen diese klinischen Anzeichen bei einer Infektion mit Chlamydien nicht vorliegen (JÄGER et al. 2007, REINHOLD et al. 2008). Signifikant höhere Körpertemperaturen und ein signifikant niedrigeres Körpergewicht konnten bei Chlamydien-positiven Kälbern gemessen werden (JÄGER et al. 2007, REINHOLD et al. 2008).

Die Angaben zur Beteiligung von Chlamydien bei respiratorischen Erkrankungen des Rindes und Schweins basieren meist auf serologischen Untersuchungen und sind deshalb wenig aussagekräftig, um die Pathogenese einer pulmonalen

Chlamydieninfektion einzuschätzen. Oft wird jedoch postuliert, dass Chlamydien – wenn überhaupt – nur milde Pneumonien verursachen, die ggf. durch andere pathogene Erreger kompliziert werden. Chlamydien wird – in Analogie zu den respiratorischen Viren – zum Teil eine Wegbereiterfunktion für folgende bakterielle Sekundärinfektionen zugeschrieben (STORZ et al. 1971a, STORZ & KALTENBOECK 1993). Dies muss aber nicht immer der Fall sein, auch sind in Untersuchungen keine bemerkenswerten sekundären Infektionen gefunden worden (REINHOLD et al. 2008).

Dementsprechend können klinische Anzeichen wie Fieber und Nasenausfluss bei einer Chlamydieninfektion vorliegen oder auch nicht. Ebenso können sekundäre Infektionen durch Chlamydien begünstigt werden, was aber nicht sein muss. So stellt sich die Infektion mit Chlamydien im Respirationstrakt bzw. Infektionen mit Chlamydien, die zu Erkrankungen des Respirationstrakts führen, nicht eindeutig dar (JEE et al. 2004, TWOMEY et al. 2006).

### **2.3.2 Genitalinfektionen**

Infektionen des Genitaltrakts kommen sowohl bei weiblichen als auch bei männlichen Rindern vor. Chlamydien konnten aus bovinen Aborten (BOREL et al. 2006), fetalen Membranen (GRIFFITHS et al. 1995), Vaginalausfluss (WITTENBRINK et al. 1993), Zervixtupfern (WEHREND et al. 2005) und Vaginaltupfern (DEGRAVES et al. 2003a) isoliert werden.

Bei Bullen konnten Chlamydien im Sperma und im Nebenhoden nachgewiesen werden (PEREZ-MARTINEZ & STORZ 1985b, STORZ et al. 1968). Hinsichtlich der Spermaqualität sind unterschiedliche Ergebnisse aus der Literatur bekannt. Während STORZ et al. (1968) eine deutlich schlechtere Spermaqualität positiver Bullen mit geringerer Konzentration motiler Spermien und überdurchschnittlich vielen primären und sekundären Abnormalitäten beschreiben, stellen KAUFFOLD et al. (2007) keine Differenz zwischen Spermavolumen, Motilität, Dichte und Anzahl morphologischer veränderter Spermien von negativen und positiven Bullen fest.

Das klinische Erscheinungsbild der Bullen kann mit anderen Krankheitsbildern wie Polyarthrititis oder Konjunktivitis einhergehen oder auch asymptomatisch sein. Bei Bullen mit asymptomatischer Erscheinungsform ist die Menge der nachgewiesenen Chlamydien-DNA meist geringer (TAENKUM et al. 2007).