

In der vorliegenden Arbeit wurde eine Zusammenstellung und Auswertung der Befunde von bakteriologischen Untersuchungen des Instituts für Mikrobiologie und Tierseuchen der Tierärztlichen Hochschule Hannover an Untersuchungsmaterial vom Schwein, unter Berücksichtigung der verschiedenen Altersklassen, vorgenommen. Insgesamt konnten 4046 eingesandte und bakteriologisch untersuchte Proben ausgewertet werden. Hierunter sind 701 Proben von Saugferkeln, 828 von Absatzferkeln, 608 von Läufern, 669 von Mastschweinen, 1215 Proben von Sauen und 25 Proben von Ebern.

Ausgewertet wurden die Ergebnisse der bakteriologischen Untersuchungen von Nasentupfer- und Lungenproben, Kotproben, Dünndarm- und Dickdarminhalt, Zervix-, Vaginaltupfer- und Harnproben, Gesäuge-, Gehirn- Gelenk- sowie Hautmaterial.

Aus den untersuchten Proben des Respirationstraktes konnte eine große Anzahl an verschiedenen bakteriellen Infektionserregern ermittelt werden. Bei allen Altersgruppen der Schweine wurde überwiegend *Pasteurella multocida* isoliert. Die Anzahl der nachgewiesenen Stämme stieg mit zunehmendem Alter der Schweine an. Oftmals war *Pasteurella multocida* zusammen mit *Bordetella bronchiseptica*,  $\alpha$ - und  $\beta$ -hämolyisierenden Streptokokken, insbesondere bei Läufer- und Mastschweinen, nachweisbar.

Aus Kotproben und Dünndarminhalt von Saug- und Absatzferkeln konnte, neben Salmonellen, *Treponema hyodysenteriae* und *Clostridium* Typ C, in erster Linie *Escherichia coli* isoliert werden. Bei den serologisch bestimmten O - Gruppen von *Escherichia coli* handelte es sich hauptsächlich um die Serogruppe O149, weiterhin waren O8, O138, O139, O141 und O147 relativ häufig aus dem Untersuchungsmaterial nachweisbar. Salmonellen wurden aus Kot- und Dünndarmproben, sowie aus Dickdarminhalt aller Altersgruppen nachgewiesen, wobei insbesondere *Salmonella typhimurium* isoliert wurde. *Treponema hyodysenteriae*, Erreger der Schweinedysenterie, war bei allen Altersgruppen in Kotproben und Dickdarminhalt besonders von Läufern und Mastschweinen nachweisbar.

749 Zervixtupferproben von Sauen mit einem mittel - bis hochgradigen Keimgehalt fanden bei der Auswertung Berücksichtigung. Überwiegend wurden *Escherichia coli* in 74,1% und  $\alpha$ -hämolyisierende Streptokokken in 24,6% der Fälle isoliert. Es konnte eine große Anzahl weiterer Bakterien wie zum Beispiel Staphylokokken, Klebsiellen oder Corynebakterien isoliert werden. Vergleichbare Ergebnisse wurden in den untersuchten Vaginaltupferproben beobachtet.

Bei den untersuchten Harnproben wurde ein Keimgehalt von  $> 10^5$  Keimen pro ml Harn berücksichtigt. Auch hier konnten *Escherichia coli* (81,3%) und  $\alpha$ -hämolyisierende Streptokokken (32,3%) am häufigsten ermittelt werden.

Aus Gesäugematerial konnte *Escherichia coli* (56,0%), neben einer Vielzahl anderer Bakterien wie zum Beispiel *Actinomyces pyogenes* (40,7%), *Pasteurella multocida* (12,1%) oder *Staphylococcus aureus* (13,2%), am häufigsten bestimmt werden.

Das untersuchte Gehirnmateriale der Schweine umfaßte insgesamt 89 Proben. Am häufigsten und bei allen Altersgruppen wurde *Streptococcus suis* Typ 2 nachgewiesen. Weiterhin sind *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus hyicus*, *Staphylococcus aureus*, *Pasteurella multocida* und *Actinomyces pyogenes* isoliert worden.

Aus den Gelenken wurden, neben einer großen Vielfalt anderer Bakterien, überwiegend nicht weiter differenzierte  $\alpha$ -hämolyisierende Streptokokken isoliert.

Aus dem untersuchten Hautmateriale der Schweine wurden in erster Linie *Staphylococcus hyicus* und  $\beta$ -hämolyisierende Streptokokken bei allen Altersgruppen erfaßt. Andere bakterielle Infektionserreger wie *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa* oder *Actinomyces pyogenes* konnten ebenfalls nachgewiesen werden.

Weiterhin wurde die aktuelle Resistenzsituation von fakultativ und obligat pathogenen bakteriellen Infektionserregern bei Schweinen untersucht. Es konnten insgesamt 4366 Bakterienstämme in die Auswertung einbezogen werden. Dabei handelte es sich um folgende Bakterienarten bzw.-gattungen:

*Staphylococcus* sp. (n=351), *Streptococcus* sp. (n=935), *Pasteurella multocida* (n=359), *Bordetella bronchiseptica* (n=121), *Haemophilus parasuis* (n=43), *Actinobacillus pleuropneumoniae* (n=31), *Actinomyces pyogenes* (n=56), *Escherichia coli* (n=1892), *Salmonella* sp. (n=96), *Proteus* sp. (n=66), *Enterobacter* sp. (n=17), *Klebsiella* sp. (n=53), *Pseudomonas aeruginosa* (n=98), *Corynebacterium* (*Eubacterium*) *suis* (n=26) und *Treponema hyodysenteriae* (n=274).

EVALUATION OF THE RESULTS OF BACTERIOLOGICAL TESTING OF PORCINE SAMPLES CARRIED OUT BY THE INSTITUTE FOR MICROBIOLOGY AND INFECTIOUS DISEASES IN THE YEARS 1985 TO 1989.

9.

S U M M A R Y

The present study evaluates results of bacteriological testing of porcine samples with special regards to age groups of swine carried out by the Institute for Microbiology and Animal Diseases of the Tierärztliche Hochschule Hannover, F. R. G.. 4,046 samples were included in the study. 701 samples were collected from suckling piglets, 828 from weaners, 608 from storepigs, 669 from fattening pigs, 1,215 from sows, and 25 from boars. Samples were nasal swabs, lung tissue, fecal samples, contents of the small and large intestine, cervical and vaginal swabs, urine samples, mammary gland and brain tissue, synovial fluid, and skin. A large number of different bacteria were isolated from samples of the respiratory tract. *Pasteurella multocida* was discovered in samples of all age groups. The number of isolated strains increased with age. *Pasteurella multocida* was often accompanied by *Bordetella bronchiseptica*, and  $\alpha$ - and  $\beta$ - hemolytic streptococci, in particular in stores and fattening pigs. *Salmonella*, *Treponema hyodysenteriae* and *Clostridium perfringens* Type C, but mainly *Escherichia coli* were isolated from fecal samples and contents of the small intestine of suckling piglets and weaners. The predominant serologic O - group of *E. coli* was O149; serologic groups 08, O138, O139, O141, and O147 were, however, fairly frequent. *Salmonella* were isolated from fecal samples and from contents of the small and large intestine of all age groups, in particular *Salmonella typhimurium*. *Treponema hyodysenteriae*, which causes swine dysentery, was detected in fecal samples and contents of the large intestine of all age groups but particularly in stores and fattening pigs. 749 of the cervical swabs with small to very large numbers of bacteria obtained from sows were included in the evaluation. *Escherichia coli* was isolated from 74.1%  $\alpha$ -hemolytic streptococci were isolated from 24.6% of the samples. In addition a large number of various other bacteria such as staphylococci, *Klebsiella*, or *Corynebacterium* were isolated. Examination of vaginal smears revealed similar results.

Only urine samples with more than  $10^5$  bacteria/ml were included in the evaluation. Main isolates were *Escherichia coli* (81.3%), and  $\alpha$  - hemolytic streptococci (32.3%). Examination of mammary gland tissue revealed mainly *Escherichia coli* (56.0%), and also a number of various other bacteria such as *Actinomyces pyogenes* (40.7%), *Pasteurella multocida* (12.1%), and *Staphylococcus aureus* (13.2%). 89 samples of brain tissue were evaluated. The main isolates in all age groups was *Streptococcus suis* type 2. *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus hyicus*, *Staphylococcus aureus*, *Pasteurella multocida*, and *Actinomyces pyogenes* were also isolated. Bacteriological testing of synovial joint fluid revealed mainly  $\alpha$ - hemolytic streptococci that were not further differentiated, and a large variety of other bacteria. *Staphylococcus hyicus* and  $\beta$  - hemolytic streptococci were the main isolates in skin samples. Other bacterial pathogens such as *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa*, and *Actinomyces pyogenes* were also found.

The present resistance pattern of not obligatory and obligatory bacterial pathogens in swine was also investigated. 4366 strains of bacteria were included in the evaluation. The following species and genera of bacteria, respectively, were examined:

*Staphylococcus* spec. (n=351), *Streptococcus* spec. (n=935), *Pasteurella multocida* (n=359), *Bordetella bronchiseptica* (n=121), *Haemophilus parasuis* (n=43), *Actinobacillus pleuropneumoniae* (n=31), *Actinomyces pyogenes* (n=56), *Escherichia coli* (n=1892), *Salmonella* spec. (n=96), *Proteus* spec. (n=66), *Enterobacter* spec. (n=17), *Klebsiella* spec. (n=53), *Pseudomonas aeruginosa* (n=98), *Corynebacterium* (*Eubacterium*) *suis* (n=26), and *Treponema hyodysenteriae* (n=274).