

In der vorliegenden Arbeit wurde eine phänotypische und genotypische Subdifferenzierung von 36 *Mycoplasma-hyorhinae* -Stämmen durchgeführt. Bei diesen Stämmen handelte es sich um drei gut charakterisierte Prototypstämme (SK76, BTS 7 und GDL 1), drei Feldisolate aus der Bretagne und 30 Stämme aus verschiedenen deutschen Bundesländern, die aus diagnostischem Material des Instituts für Mikrobiologie und Tierseuchen an der Tierärztlichen Hochschule Hannover isoliert wurden.

Mittels Westernblot-Analyse unter Verwendung eines Kaninchen-Hyperimmunserums gegen den Referenzstamm BTS 7 konnten deutliche Unterschiede im Antigenexpressionsprofil festgestellt werden, aufgrund derer die untersuchten Stämme fünf Antigenphänotyp-Klassen zugeordnet werden konnten. Diese Klassifizierung war von der geographischen Herkunft und der Organassoziation weitgehend unabhängig. Ebenso zeigte auch das Expressionsprofil der mit Hilfe von spezifischen monoklonalen Antikörpern detektierten variablen Lipoproteinantigene VlpB, VlpC und VlpE, die von dem konventionellen polyspezifischen Antiserum nicht erkannt wurden, auffällige Stammunterschiede, die ebenfalls keinen Zusammenhang zwischen dem Vlp-Expressionsprofil und der Herkunft der Stämme erkennen ließen. Darüber hinaus ließen die Antigen- und Vlp-Expressionsprofile keine Rückschlüsse auf das pathogene Potential der Stämme zu. Demgegenüber lieferten die Variationen im DNA-Restriktionsfragmentmuster, die eine genotypische Einordnung der Stämme in vier Klassen erlaubten, und von den Variationen im Antigen- und Vlp-Expressionsprofil weitgehend unabhängig waren, Hinweise auf eine mögliche epidemiologische Beurteilung zwischen den untersuchten Isolaten.

Bei zwei Stämmen wurden variable integrale Membranproteine gefunden, die ebenso wie die Vlps im Zuge einer durch *M. hyorhinae* induzierten chronischen Arthritis im Schwein exprimiert werden und immungen sind. Diese Antigene stellen möglicherweise neue Mitglieder der Vlp-Proteinfamilie dar. Um das potentielle Vlp-Repertoire dieser und der anderen untersuchten Stämme zu ermitteln, werden gegenwärtig Southernblot-Analysen unter Verwendung vlp-genspezifischer Sonden durchgeführt.

SANDRA WIESEMANN

Subdifferentiation of 36 *Mycoplasma hyorhinis*-strains by their pheno- and genotypes.

In the present study, 36 *M. hyorhinis*-strains were subdifferentiated by their pheno- and genotypes. These strains included three well-defined prototype strains (SK76, BTS 7 and GDL 1), three field isolates from Brittany/France and 30 strains from various German "Bundesländer", which have been isolated from diagnostic material of the "Institut für Mikrobiologie und Tierseuchen an der Tierärztlichen Hochschule Hannover".

Western blot analysis using a rabbit hyperimmune serum against reference strain BTS 7 revealed distinct strain differences in the antigen expression-profile. On the basis of these antigenic differences, all strains were subdivided into five classes, each of which representing a separate antigen phenotype. This classification was largely independent from their geographic origin and their site of isolation.

Similarly, the expression profile of the variable lipoprotein antigens VlpB, VlpC and VlpE, which were detected by specific monoclonal antibodies but undetected by the conventional polyspecific antiserum, demonstrated a striking heterogeneity among strains. Also, these differences did not show any correlation between the Vlp expression profile and the strain origin. Moreover, the antigen and Vlp expression profiles of the different strains did not allow any conclusions regarding their pathogenic potential. On the basis of the DNA restriction pattern analysis, the various strains could be subdivided into four genomically distinct but related clusters. These variations observed among the restriction fragment patterns, which were not linked to the variations found among antigen or Vlp expression profiles, provided informations regarding a possible relationship between the isolates.

In two strains, variable integral membrane proteins were found, which were similar to the Vlps expressed and immunogenic in swine during *M. hyorhinis* induced chronic arthritis. Therefore, these antigens may represent new members of the Vlp protein family. Currently, southern blot analyses are performed using *vlp* gen-specific probes to determine the potential Vlp repertoire of these and the other strains.