Das Uterusmikrobiom des Schweines in Zusammenhang mit dem porzinen reproduktiven und respiratorischen Syndrom Virus

Die Vorstellung, dass sich Feten in einer sterilen Umgebung entwickeln und „keimfrei“ zur Welt kommen, wird im Bereich der Humanmedizin kontrovers diskutiert. Zahlreiche Studien der vergangenen Jahre beschreiben ein uterines bzw. plazentares Mikrobiom, das sich vorwiegend aus nicht-pathogenen, kommensalen Bakterien zusammensetzt, das auch bei gesunden Individuen in der Amnionflüssigkeit und Plazenta nachgewiesen werden kann. Als Vertreter dieser kommensalen Bakterienflora werden zum Beispiel Vertreter der kommensalen Hautflora, wie *Staphylococcus* spp., *Streptococcus* spp. und *Propionibacterium* spp., oder auch *Enterobacteriaceae* und *Bacteroides* spp. genannt. Auch die bakterielle Kolonisation des Darmes vor der Geburt wird diskutiert, weil in Untersuchungen von Meconiumproben neugeborener Babys und Mäuse bereits unterschiedliche Bakterienspezies nachgewiesen werden konnten. Ob es sich dabei um den Nachweis bakterieller Kontamination im Rahmen der Probenentnahme oder -bearbeitung im Labor handelt, oder es sich tatsächlich um eine mikrobielle Besiedelung des fetalen Darmes handelt, die eine wichtige Rolle für die Entwicklung des Immunsystems und die Entstehung von Erkrankungen nach der Geburt spielt, wird kontrovers diskutiert.

Das Vorkommen potentiell pathogener Bakterien, wie *Streptococcus agalactiae*, *Fusobacterium nucleatum*, *Escherichia coli* und *Ureaplasma parvum*, in Zusammenhang mit entzündlichen Vorgängen an der Plazenta steht hingegen außer Diskussion. Woher die Bakterien kommen, ob es sich also um eine aufsteigende Infektion aus dem Reproduktionstrakt handelt, oder die Bakterien aus der Mundhöhle oder dem Darm der Mutter über den Blutweg in die Gebärmutter gelangen, wird ebenso kontrovers diskutiert.

Studien zur Untersuchung der mikrobiellen Flora von Schweinefeten sind bisher nicht beschrieben. Bei neugeborenen Ferkeln kann bereits innerhalb von 12 Stunden nach der Geburt eine fäkale Mikrobiota, die sich durch eine geringe Diversität und Vorherrschen von Bakterien der Familien der *Enterobacteriaceae* und *Clostridiaceae* auszeichnet, nachgewiesen werden. Ob diese Bakterien bereits im Mekonium vor der Passage durch den Geburtskanal präsent sind, wurde jedoch nicht untersucht.

Im Zusammenhang mit Infektionen mit dem porzinen reproduktiven und respiratorischen Syndrom Virus (PRRSV), welches im letzten Drittel der Trächtigkeit von Sauen auf deren Feten übertragen wird, kommt es zur Virusreplikation innerhalb der Gebärmutter, welche zu entzündlichen Veränderungen an der maternal-fetalen Interphase inklusive Apoptose, Endometritis und Vaskulitis führt. Es wird spekuliert, dass im Rahmen dieser entzündlichen Veränderungen auch die Intaktheit bzw. Durchlässigkeit der Plazenta verändert wird. Daher könnte es im Rahmen von PRRSV Infektionen auch zu einer Änderung des fetalen Mikrobioms kommen, welche sich negativ auf die postnatale Gesundheit der Ferkel auswirkt. Dies könnte erklären, warum

intrauterin mit PRRSV initiierte Ferkel oft lebensschwach geboren werden und häufiger bakterielle Erkrankungen entwickeln, bzw. ein erhöhtes Risiko für ein Verenden vor dem Absetzen aufweisen.

Im Rahmen eines experimentellen Infektionsversuches trächtiger Jungsauen mit PRRSV, wurden Proben von Amnionflüssigkeit und Mekonium der Feten, sowie Tupferproben des Rektum und der Zervix der Muttertiere entnommen, und die mikrobielle Zusammensetzung dieser Proben analysiert. Sowohl bei PRRSV-infizierten, als auch bei Kontrolltieren konnte bakterielle DNA in Amnion und Mekonium der Feten gefunden werden, wobei die Menge an bakterieller DNA sich nicht zwischen infizierten und nicht-infizierten Feten unterschied.

(Literatur bei der Autorin)

Univ.-Prof. Dr. Andrea Ladinig, Dipl. ECPHM

Universitätsklinik für Schweine

Veterinärplatz 1

A-1210 Wien

E-Mail: andrea.ladinig@vetmeduni.ac.at