



## **Antibiotikaresistenzen – Entwicklung und Persistenz von Resistomen und kodierenden genetischen Elementen in der Schweinehaltung**

**N. Pfeifer**, E. Wiegand, C. Berens, C. Menge

*Institut für molekulare Pathogenese (IMP), Friedrich-Loeffler-Institut, Jena*

2018 wurde durch die Bundesregierung eine Änderung der Tierärztlichen Hausapothekenverordnung (TÄHAV) vorgenommen. Diese sieht unter anderem vor, den Einsatz von Fluorchinolonen und Cephalosporinen der 3. und 4. Generation, die als humanmedizinische Reserveantibiotika gelten, in der veterinärmedizinischen Praxis zu reduzieren, um die (Weiter-) Verbreitung der gegen diese Antibiotika gerichteten Resistenzen zu minimieren.

Neuere Untersuchungen zur Verbreitung von Antibiotikaresistenzen lassen jedoch vermuten, dass ihre Prävalenz nicht ausschließlich mit dem Ausmaß des Einsatzes selbiger Antibiotika korreliert. Wir stellen die Hypothese auf, dass einerseits der fehlende oder umsichtige Einsatz von Antibiotika nicht allein das Fortbestehen von Antibiotikaresistenzen im Resistom reduzieren kann und dass andererseits weitere Interventionsmaßnahmen wie beispielsweise der Einsatz von Desinfektionsmitteln oder Antiparasitika eben jenes Fortbestehen begünstigen können.

In einer Longitudinalstudie wird deshalb untersucht, wie sich das Auftreten der resistenzkodierenden Gene im Darmmikrobiom über die Lebensspanne eines Mastschweines hinweg entwickelt und welche veterinärmedizinischen sowie zotechnischen Maßnahmen diese Verläufe beeinflussen. Dazu nehmen wir in vier schweinehaltenden Betrieben in Mitteldeutschland über drei aufeinanderfolgende Mastzyklen hinweg zu definierten Alterszeitpunkten Sammelkotproben. Zwei dieser Betriebe werden konventionell und die anderen beiden ökologisch bewirtschaftet. In beiden Haltungssystemen werden Antibiotika sowie Desinfektionsmittel und Antiparasitika eingesetzt – vermutlich allerdings in unterschiedlicher Intensität.

Die Sammelkotproben werden quantitativ und qualitativ auf das Vorkommen von *Escherichia coli* untersucht, das für die Studie als Indikatororganismus gewählt wurde. Der Fokus liegt dabei auf den Cephalosporin- und Fluorchinololon-resistenten Stämmen des Bakteriums. Diese werden isoliert und molekulargenetisch im Hinblick auf das Vorhandensein mobiler resistenzkodierender genetischer Elemente und deren Dynamik über den Produktionsverlauf hinweg charakterisiert. Auf diese Weise kann die Entwicklung spezifischer genetischer Elemente und die Persistenz des Resistoms vorhandener *E. coli*-Stämmen innerhalb eines und über verschiedene Mastdurchgänge hinweg bis zur Schlachtung dargestellt werden.