

# Ohrmikrobiom

Vecere *et al.*, 2022<sup>1)</sup> (USA) charakterisierten das Ohr-Mikrobiom von klinisch gesunden Kaninchen ( $n = 34$ ) sowie Kaninchen mit **Außenohrentzündung** ( $n = 16$ ) mittels *Next-generation DNA sequencing* (NGS; „*metagenomics*“). Aufgezeichnet wurden das Alter und das Geschlecht der Tiere (– nicht die Ohrform), und die Diagnose OE war anhand klinischer Symptome bei der Ohrenuntersuchung erfolgt, darunter Rötungen des äußeren Gehörgangs, Ablagerungen im Gehörgang oder Juckreiz der Ohren. Die Proben von gesunden Kaninchen wiesen tendenziell eine deutlich größere Bakterien- und Pilzvielfalt auf als die Otitis-Proben. Mit einer großen relativen Häufigkeit waren bei gesunden Tieren *Staphylococcus epidermis* und bei kranken Tieren *Pseudomonas aeruginosa*, *Staphylococcus aureus*, *Corynebacterium sp* und *Fusobacterium nucleatum* besonders auffällig.

Zum besseren Verständnis des physiologischen Mikrobioms der Außenohren untersuchten Makri *et al.*, 2024<sup>2)</sup> an der Kleintierklinik der Universität Edinburgh (UK) 63 klinisch gesunde Heimkaninchen (ohne nachgewiesene Entzündungszellen oder Ektoparasiten im Außenohr; Alter: 0,3 bis 9,8 Jahre, Gewicht: 0,8 bis 6 kg) mittels Otoskopie und Zytologie; bei 12 Tieren wurde außerdem eine Zellkultur angelegt sowie DNA aus Kulturen sequenziert („*culturomics*“).

Trotz inkonsistenter Ergebnisse zwischen den einzelnen Methoden wurde insgesamt festgestellt, dass die Besiedelung des äußeren Gehörgangs mit Bakterien und Hefen grundsätzlich als physiologisch angesehen werden kann.

Weiters

- war mit dem verwendeten Otoskop nur bei 5/32 (15,6%) Kaninchen mit hängenden Ohren und 18/31 (58,1%) Kaninchen mit stehenden Ohren eine Einsicht bis zum Trommelfell möglich - als wahrscheinliche Ursachen wurden Unterschiede in Form und Größe des Gehörgangs (insbesondere bei Zwergkaninchen) und das Vorhandensein von Cerumen angeführt;
- wiesen Kaninchen mit hängenden Ohren deutlich mehr Cerumen sowie Bakterien im Außenohr auf als Kaninchen mit Stehohren;
- verdeutlichten die Sequenzierungs-Ergebnisse einen möglichen Einfluss der Umwelt (Haltung) auf die Zusammensetzung des Ohr-Mikrobioms.

---

3 2 198

<sup>1)</sup>

Vecere, G., Malka, S., Holden, N., Tang, S., & Krumbeck, J. A. 2022. Comparison of ear canal microbiome in rabbits with and without otitis externa using next generation DNA sequencing. *Journal of Exotic Pet Medicine*, 42, 35-41.

<sup>2)</sup>

Makri, N., Ring, N., Shaw, D. J., Athinodorou, A., Robinson, V., Paterson, G. K., ... & Nuttall, T. 2024. Cytological evaluation, culture and genomics to evaluate the microbiome in healthy rabbit external ear canals. *Veterinary Dermatology*, 35(5), 479-491.

From:

<http://www.wikikanin.de/> - Wikikanin

Permanent link:

<http://www.wikikanin.de/doku.php?id=physiologie:ohrmikrobiom&rev=1764512186>

Last update: 2025/11/30 15:16



