

# Die canine intestinale Mikrobiota – Beeinflussung durch ein Synbiotikum

In der vorliegenden Studie wurde die Zusammensetzung der Darmmikrobiota bei Tieren mit und ohne Durchfall bestimmt und mit der Analyse nach Gabe des Synbiotikums Canikur Pro<sup>®</sup> verglichen, um eine objektivierte Betrachtung des Effekts bei Hunden mit chronisch-intermittierenden Durchfällen zu ermöglichen. Dabei zeigte sich eine hohe Varianz der Kopienzahl der Markerbakterien innerhalb der Gruppe der erkrankten Tiere im Vergleich zur darmgesunden Gruppe. Canikur Pro<sup>®</sup> konnte hierbei bei einigen mikrobiellen Schlüsselmarkern vom Stamm der Firmicutes eine tendenzielle Erhöhung auf Vorkommen und ihre Menge bewirken. Durch eine positive Veränderung der intestinalen Mikrobiota können symptomatisch verlaufende, aber auch klinisch unauffällige Darmdysbakterien wieder in Richtung eines stabilen und gesunden Gleichgewichts verschoben werden.

<sup>1</sup> LABOKLIN GmbH & Co. KG, Steubenstr. 4, 97688 Bad Kissingen, <sup>2</sup> Boehringer Ingelheim Vetmedica GmbH, Bingerstr. 173, 55216 Ingelheim am Rhein

Der zweite Teil des Absatzes »in Kürze« wurde als Einleitung auf die blauen Fläche verschoben, das Einverständnis der Autoren vorausgesetzt.

## In Kürze

Die Beiträge, die die Darmmikrobiota für die Gesundheit des Wirts liefern, sind sehr vielfältig und von enormem Wert. So unterstützt das Darmmikrobiom durch seine Stoffwechsellaktivität die Verdauung und den Energiehaushalt und dient als wichtiger Stimulationsfaktor für das darmassoziierte Immunsystem. Es ist daher nicht verwunderlich, dass eine Störung dieses empfindlichen, mikrobiellen Gleichgewichts zu diversen Krankheitsbildern, wie chronischem Durchfall, Obstipation uvm. führen kann. Bei der Behandlung von gastrointestinalen Beschwerden stehen Prä- oder Probiotika oft im Fokus, da sie einen positiven Einfluss auf die intestinale Mikrobiota aufweisen und auch ihre Zusammensetzung entscheidend beeinflussen können.

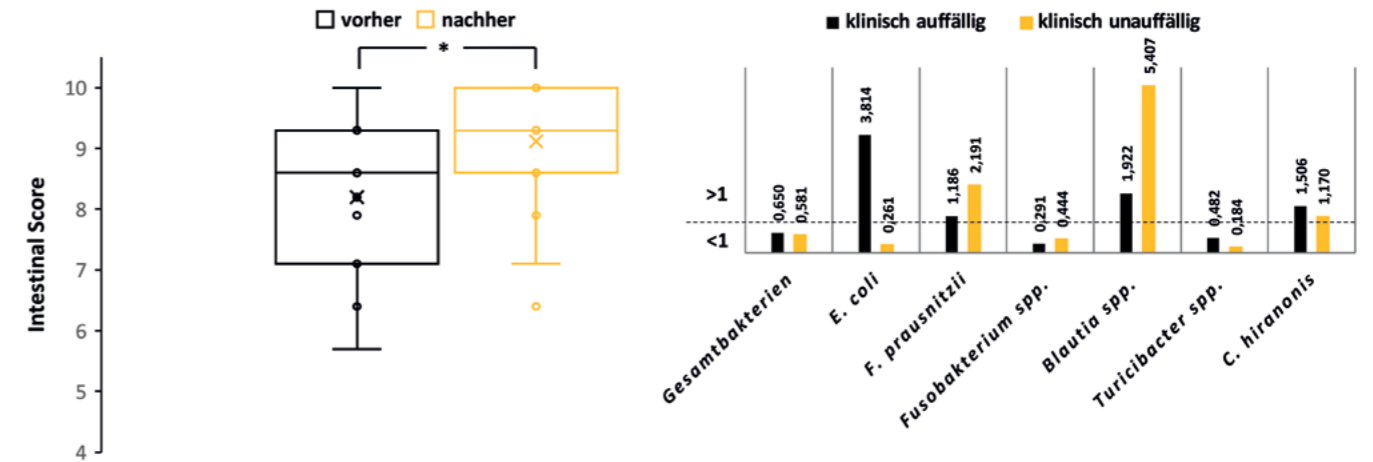
## Studienablauf

Das Studiendesign war das einer multi-zentrischen und nicht randomisierten Anwendungsbeobachtung. 25 Hunde verschiedener Rassen mit klinisch auffälligem und neun Tiere mit klinisch unauffälligem Kotabsatz wurden einbezogen. Die Gruppe der klinisch auffälligen Tiere litt an einer chronischen oder chronisch-intermittierenden Diarrhoe. Klinisch gesunde Tiere mussten einen normal geformten Kotabsatz aufweisen und durften in den letzten vier Wochen keine Antibiotika, Pro- oder Präbiotikum erhalten haben. Weitere Einschlusskriterien waren unauffällige parasitologische, mykologische und mikrobiologisch-kulturelle Ergebnisse der Kotproben. Zu Beginn wurde die intestinale Mikrobiota molekularbiologisch untersucht. Im Anschluss erhielt

jeder Hund für vier Wochen 2x täglich entsprechend der Dosierungsempfehlung Canikur Pro<sup>®</sup>. Die gewohnte Ernährung mit einer handelsüblichen Trockennahrung wurde beibehalten. Nach vier Wochen wurden die molekularbiologischen Untersuchungen der intestinalen Mikrobiota analog zur Eingangsuntersuchung durchgeführt.

Bei der molekularbiologischen Untersuchung des Kots dienten neben der Anzahl der Gesamtbakterien folgende aufgeführte Keime als Biomarker für den normo- oder dysbiotischen Zustand des Darms (AlShawaqfeh et al. 2017):

- Bakterien aus dem Phylum Firmicutes (*Faecalibacterium prausnitzii*, *Blautia spp.*, *Clostridium hiranonis*, *Turicibacter spp.*),
- *Fusobacterium spp.* aus dem Stamm der *Fusobacteria* sowie
- das Proteobakterium *Escherichia coli*.



1 Ermittlung des IS vor und nach der Einnahme von Canikur Pro<sup>®</sup>. Nach 4-wöchiger Therapie zeigt sich bei 59 % aller Hunde eine Erhöhung des Intestinal Scores (n = 20)

2 Darstellung der x-fachen Änderung der Kopien/g Kot nach Therapie (19 klinisch auffällige / 9 klinisch unauffällige Hunde. Dabei entsprechen Werte < 1 einer Reduktion und Werte > 1 einer Erhöhung der Biomarkerkopienzahlen

Der dabei ermittelte Intestinal Score (IS) ist ein Summenindex, der die Referenzbereiche der Biomarker berücksichtigt, um eine vereinfachte Interpretation sowie eine erleichterte Einordnung des Schweregrades von dysbiotischen Zuständen zu ermöglichen. Ein IS von 10 spiegelt einen normobiotischen Zustand wider. Werte kleiner 10 bedeuten eine Veränderung der Markerkeime bezüglich ihrer Referenzwerte, was auf eine gestörte Mikrobiota hindeutet.

Für die statistischen Auswertungen wurden die Keimzahlen log<sub>10</sub>-transformiert. Deskriptive Statistiken wurden für Hundekollektive und Markerkeime berechnet. Veränderungen durch die Behandlung wurden mit dem t-Test für abhängige Stichproben auf Signifikanz getestet. Der Änderungsfaktor gegenüber den Werten vor der Behandlung ergibt sich aus dem entlogarithmierten Mittelwert für die Differenzen ‚nach‘ minus ‚vor‘ Behandlung.

## Ergebnisse

In der ersten Beobachtungsebene wurde sein Einfluss auf den IS der gesamten Hundepopulation betrachtet., um den Effekt von Canikur Pro<sup>®</sup> auf die Darmmikrobiota in der Gesamtheit zu untersuchen. Die mikrobiellen Marker wurden vor und nach der vierwöchigen Therapie ermittelt. Bei 59% aller Tiere verbesserte sich der IS im Mittel von 8,2 auf 9,1 nach

der Therapie (Abb. 1). 41% aller Tiere wiesen hingegen eine Reduktion des Summenindex von 9,3 auf 8,0 auf (nicht dargestellt).

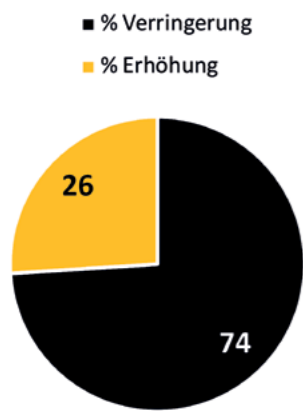
## Differenzierung der intestinalen Mikrobiota in einzelne Biomarker

In dieser Studie wurden die molekularbiologischen Parameter als Maß für eine objektivierte Bewertung herangezogen. Unter den eingesendeten Proben des Patientenkollektivs befanden sich 6, die zum Beginn einen normobiotischen IS von 10 hatten, sodass im Folgenden nur 19 Tiere der klinisch auffälligen Gruppe berücksichtigt wurden. Beim Hundekollektiv mit auffälligem Kotabsatz zeigten die Mittelwerte der logarithmierten Kopien/g Kot der Biomarker bei einem direkten Vergleich eine leichte Steigerung nach vierwöchiger Therapie. Dies wird durch die Darstellung der entlogarithmierten, gemittelten Differenzwerte verdeutlicht (Abb. 2). Das klinisch auffällige Kollektiv wies zu Beginn unterhalb der Referenzwerte liegende Kopienzahlen von *E. coli* auf, welche sich nach Synbiotikumeinnahme um den Faktor 3,8 verbesserte. Auch bei *Blautia spp.*, *C. hiranonis* und *F. prausnitzii* konnte eine tendenzielle, jedoch nicht signifikante Zunahme festgestellt werden. So ergab sich für *Blautia*

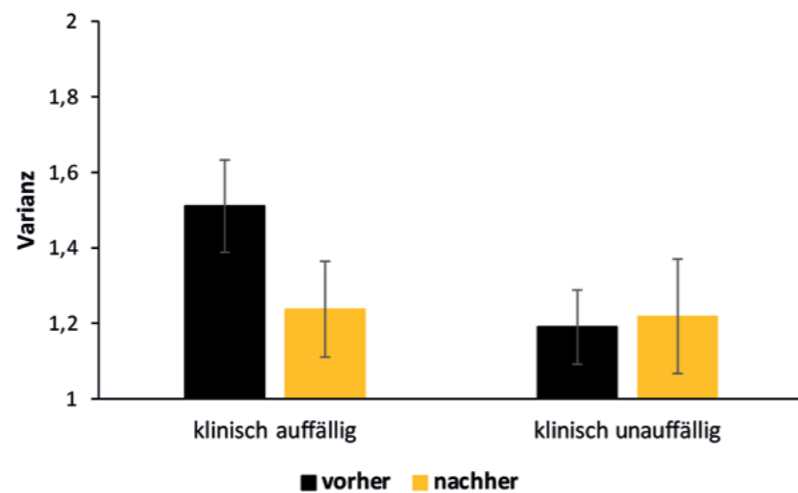
*spp.* eine Verbesserung der Kopienzahlen um den Faktor 1,9 und für *C. hiranonis* um 1,5. Im Mittelwert zeigte auch das Bakterium *F. prausnitzii* einen schwachen Anstieg um den Faktor 1,19, wohingegen es bei der Kontrolltiergruppe sogar eine Zunahme von 2,19 nach der Therapie aufwies. Auch bei der Kontrolltiergruppe konnte eine Steigerung der Kopienzahl für *C. hiranonis* und *Blautia spp.* verzeichnet werden, die bei *Blautia spp.* mit p=0,078 eine Borderline-Signifikanz aufzeigte und in einem Elevationsfaktor von 5,4 resultierte (Abb. 2).

## Verteilung der Bakterienpopulationen im Vergleich der Kontrollgruppe zur erkrankten Tiergruppe

Bei der Betrachtung der anteiligen Verteilung der sechs Markerkeime zur Gesamtkopienzahl der jeweiligen Einzelhunde fiel eine hohe Varianz auf. Dies macht deutlich, wie unterschiedlich die Kopienzahlen zwischen den Tieren streuen können. Zudem zeigte sich, dass für die klinisch auffälligen Hunde eine z.T. ausgeprägtere Streuung vor der Therapie vorlag, die sich bei 74 % der Hunde (Abb. 3) nach der Therapie leicht verringerte. Die Varianz im Mittel erniedrigte sich von 1,51 auf 1,23 nach 4-wöchiger Therapie (Abb. 4). Somit veränderte sich das Bakterienprofil zu



3 Prozentuale Verteilung der klinisch auffälligen Hunde, die nach der Synbiotikaeinnahme eine Verringerung oder Erhöhung der Varianz zeigten



4 Darstellung der Varianz vor und nach Synbiotikaeinnahme bei klinisch auffälligem (n=19) und unauffälligem (n=9) Hundekollektiv (Mittelwert ± SE). Eine hohe Varianz steht für eine inhomogene %-uale Verteilung der Markerkeime

einer homogenen Verteilung, wie sie bei der gesunden Kontrollgruppe bereits vor der Therapie mit 1,19 ermittelt wurde. Nach der Therapie erhöhte sich dieser Wert bei den klinisch unauffälligen Tieren um 0,03. Diese Analyse der Varianzen könnte vermuten lassen, dass nach der Therapie eine homogenere Verteilung der 6 Markerkeime auftrat. Bei der Betrachtung aller Hunde korrelierte bei 71% (20 von 28 Tieren) eine Änderung der Varianz mit einer Änderung im IS. Dies könnte auf eine Korrelation zwischen verringerter Homogenität der Bakterien-spezies/-gruppen und einer Dysbiose deuten.

## Interpretation

### Der Einfluss von Synbiotika

Eine intakte intestinale Mikrobiota spielt eine große Rolle bei der Aufrechterhaltung der allgemeinen Gesundheit des Gastrointestinaltrakts des Wirtes. So ist es nicht verwunderlich, dass eine Darmdysbakterie zu gastrointestinalen Beschwerden führen kann. Prä- und Probiotika weisen darmprotektive, immunstimulierende und -modulierende, sowie positive Wirkungen auf die Kolonisationsresistenz im Gastrointestinaltrakt auf, sodass diese Substan-

zen gerne als (unterstützende) Therapeutika eingesetzt werden. In 2005 zeigte Morys et al., dass eine Behandlung mit dem Diätergänzungsfuttermittel Canikur®-Kautablette die Anfälligkeit von Schlittenhunden, die zum Stressdiarrhoe-syndrom neigten, herabsetzte und somit zur Pro- und Metaphylaxe unter Stressbedingungen eingesetzt werden kann. Das in dieser Studie eingesetzte Canikur Pro® ist ein prä- und probiotisches Diät-ergänzungsfuttermittel und gliedert sich somit in die Gruppe der Synbiotika ein. Molekularbiologische Analysen von sieben Biomarker der Darmmikrobiota dienten als Maß zur objektivierten Beobachtung des synbiotischen Effekt von Canikur Pro®. Bei den untersuchten Hunden zeigte sich nach einer vierwöchigen Einnahme ein tendenzieller synbiotischen Effekt auf die intestinale Mikrobiota. Das Studiendesign lässt keine Rückschlüsse zu, ob der Einfluss auf die Darmmikroorganismen prä- und/oder probiotischer Natur war. Belegt ist jedoch, dass Präbiotika in Form von FOS/MOS die Zunahme von einzelnen Bakterienpopulationen vor allem bei einer oligosaccharidreichen Ernährung unterstützen können (Swanson et al., 2002.).

## Die Veränderung einzelner Bakterienpopulationen deutet auf eine Verschiebung der Darmmikrobiota hin

Bei den Hundekollektiven der klinisch Gesunden und Auffälligen zeigte eine Einnahme des Synbiotikums eine Erhöhung der Kopien/g Kot bei den Keimarten *F. prausnitzii*, *C. hiranonis* und *Blautia spp.* Dabei handelt es sich um strikt anaerobe, grampositive Vertreter aus dem Stamm der Firmicutes. *F. prausnitzii* dient als Butyratproduzent. Diese kurzkettige Fettsäure, sowie Acetat und Propionat, spielen eine wichtige Rolle in der Energieversorgung der Kolonozyten, sodass über die Ausschüttung dieser und anderer antiinflammatorischer Metabolite *F. prausnitzii* einen regenerativen Einfluss auf entzündliche Veränderungen an der Darmschleimhaut sowie den allgemeinen Darmzustand hat (Sokol et al., 2008). *Blautia spp.* stellt mit 10-20% eine der häufigsten Gruppen in der Darmflora dar. Wie auch andere Anaerobier verstoffwechseln sie Glukose und weitere Kohlen-

hydrate zu metabolischen Endprodukten mit antiinflammatorischer Wirkung wie bspw. Acetat, Ethanol und Milchsäure. Verringerte Keimzahlen von *Blautia spp.* sind in human- und tiermedizinischen Studien mit negativen Effekten für die Darmgesundheit assoziiert. Bei der darmgesunden Gruppe war, in größerem Maß als bei der Gruppe der Tiere mit Diarrhoe, ein deutlicher Anstieg im Vorhandensein von *Blautia spp.* zu verzeichnen (Abb. 2). Gerade die präbiotischen Komponenten in Form von Oligosacchariden des Synbiotikums könnten sich auf das Wachstum von *Blautia spp.* positiv auswirken (Liu et al., 2021).

Auch die Menge von *C. hiranonis* zeigte sich nach vier Wochen leicht erhöht. Dabei spielt *C. hiranonis* eine wichtige Rolle bei der Instandhaltung eines stabilen intestinalen Ökosystems, indem es durch die Verstoffwechslung von Gallensäuren ein Schlüsselfaktor für den korrekten Ablauf des enterohepatischen Kreislaufs ist und am Abbau primärer zu sekundären Gallensäuren wie Deoxychol- und Lithocholsäure beteiligt ist (Guard et al., 2019). Interessanterweise wies die Gruppe der Tiere mit Diarrhoe zu Beginn ein Vorhandensein an *E. coli* auf, dass unter dem Referenzbereich lag und sich im Studienverlauf tendenziell verbesserte. In der Literatur sind gastrointestinale Beschwerden unter anderem mit einer Erhöhung der *E. coli* Keimzahl beschrieben. Jedoch stellen *E. coli* auch einen Teil der normalen Darmflora dar und leisten als stark immunogen wirkende Spezies einen wichtigen Beitrag bei der Immunstimulation und -modulation des darmassoziierten Immunsystems (Schmidt und Schnitzer, 2018). Es wird daher diskutiert, dass erniedrigte Kopienzahlen mit Immunabwehrschwächen korrelieren können. Interne Beobachtungen zeigten, dass bei gastrointestinalen Beschwerden nicht nur eine Erhöhung an *E. coli* vorliegen muss, sondern dass ebenfalls eine starke Reduktion bei einem klinischen Beschwerdebild vorliegen kann, wobei hier als Ursache die verringerte Immunstimulation diskutiert werden kann.

## Ist eine homogene Verteilung der Bakteriengruppen wichtig für einen gesunden Darm?

In dieser Studie wurden einzelne Markerkeime in Anlehnung an AlShawaqfeh et al. 2017 und nicht das Mikrobiom selbst analysiert. Dabei zeigte die anteilige Betrachtung der sechs Markerkeime zur Gesamtkeimzahl der jeweiligen Einzelhunde eine hohe Varianz. Diese Varianz war im Vergleich bei den Tieren mit Diarrhoe größer als bei dem darmgesunden Kollektiv. Nach der Synbiotikaeinnahme wurde eine homogenere Verteilung der Bakterienpopulationen beobachtet (Abb. 4).

Zum einen ist eine Streuung beim Vergleich der Einzelhunde nicht verwunderlich, da sich letztendlich die intestinale Mikrobiota einer gewissen Individualität nicht entzieht. Sie ist stark von äußeren Einflüssen, wie Nahrung, Stresssituationen, usw. abhängig und unterliegt somit zu einem gewissen Grad einer von vielen Faktoren untermauerten Verschiebung auf Keimebene (Rinninella et al., 2019). Solch eine Verschiebung muss nicht zwangsläufig mit einer gastrointestinalen Beschwerdesymptomatik einhergehen (Werner et al. 2021) beziehungsweise sind Beschwerden nicht immer auf eine dysbiotische Verschiebung der Markerkeime zurückzuführen. Dies zeigte sich auch in der vorliegenden Studie, da beispielsweise einige Durchfalltiere keine Dysbiose auf der Ebene der Biomarker aufwiesen.

Zum anderen spielt jedoch die metabolische Aktivität von funktionellen Bakteriengruppen eine wichtige Rolle in der Darmökologie. Im Allgemeinen kann die intestinale Mikrobiota in ihrer Gesamtheit als ein vielschichtiges Ökosystem betrachtet werden und die mikrobielle Vielfalt auf der Ebene von funktionellen Bakteriengruppierungen ist wichtig für die Gesundheit des Darms. Letztendlich bilden die unterschiedlichen Mikroorganismen ein komplexes System, welches den Wirt bei der Verdauung der Nahrung unterstützt, aber auch über ihre eigenen Stoffwechsellaktivitäten diverse Metabolite zu Verfügung stellt. Doch nicht nur auf den Wirt

selbst nehmen die Bakterienpopulationen Einfluss. Cross-feeding ist eine wichtige Interaktion zwischen den anaeroben Bakterien im Gastrointestinaltrakt, bei der sich ihre Stoffwechselwege gegenseitig beeinflussen und so zu Stabilität und Produktivität beitragen (Hoek and Merks, 2017; Saa et al., 2021). Ist dieses sensible Gleichgewicht gestört, so ist es nicht verwunderlich, dass es u. a. zu gastrointestinalen Beschwerden kommen kann. Dies könnte ebenfalls erklären, warum prä- und probiotisch wirksame Stoffe einen Einfluss auf die homogene Verteilung von Bakteriengruppen haben und somit die Varianz der einzelnen Markerkeime im gesamtheitlichen Blick nach Synbiotikagabe verringert wurde.

## Fazit

Folgestudien, die eine längere Applikationszeit sowie ein langsames Absetzen berücksichtigen, könnten in Zukunft detailliertere Einblicke bezüglich der klinischen Relevanz liefern. Im gleichen Zuge könnte eine Bestimmung der Gesamtkonzentration an kurzkettigen Fettsäuren zeigen, ob eine Verbesserung der Symptomatik auf eine allgemeine Verschiebung im Stamm Firmicutes zurückzuführen ist, was zu einer erhöhten Produktion von kurzkettigen Fettsäuren wie Butyrat führt und daher die Gesundheit und Regeneration der Enterozyten fördert.

## Erklärung zum Interessenskonflikt

Dr. J. Scherzer ist zum Zeitpunkt der Drucklegung Mitarbeiterin der Laboklin GmbH u. Co. KG.

Dr. R. Gueta war zum Zeitpunkt der Studiendurchführung Mitarbeiter des gleichen Labors.

Dr. Karsten Hesse ist zum Zeitpunkt der Drucklegung niedergelassener Tierarzt und Mitarbeiter der Boehringer Ingelheim Vetmedica GmbH.



## Literatur

- AlShawaqfeh MK, Wajid B, Minamoto Y, Markel M, Lidbury JA, Steiner JM, Serpedin E, Suchodolski JS (2017b): A dysbiosis index to assess microbial changes in fecal samples of dogs with chronic inflammatory enteropathy. *FEMS Microbiol Ecol*. DOI: 10.1093/femsec/fx136.
- Guard BC, Honneffer JB, Jergens AE, Jonika MM, Toresson L, Lawrence YA, Webb CB, Hill S, Lidbury JA, Steiner JM, Suchodolski JS (2019): Longitudinal assessment of microbial dysbiosis, fecal unconjugated bile acid concentrations, and disease activity in dogs with steroid-responsive chronic inflammatory enteropathy. *J Vet Intern Med*. DOI: 10.1111/jvim.15493.
- Hoek, Mv, Merks, R. (2017): Emergence of microbial diversity due to cross-feeding interactions in a spatial model of gut microbial metabolism. *BMC Syst Biol*. DOI:10.1186/s12918-017-0430-4.
- Liu X, Mao B, Gu J, Wu J, Cui S, Wang G, Zhao J, Zhang H, Chen W. (2021): Blautia-a new functional genus with potential probiotic properties? *Gut Microbes*. DOI: 10.1080/19490976.2021.1875796.
- Morys A-K (2005): Untersuchungen zur stressbedingten Diarrhoe der Schlittenhunde bei Sprintrennen und Möglichkeiten der Prophylaxe und Metaphylaxe. *Kleintierpraxis* 4:249-258.
- Rinninella E, Raoul P, Cintoni M, Franceschi F, Miggiano GAD, Gasbarrini A, Mele MC. (2019): What is the Healthy Gut Microbiota Composition? A Changing Ecosystem across Age, Environment, Diet, and Diseases. *Microorganisms*. DOI: 10.3390/microorganisms7010014.
- Saa P, Urrutia A, Silva-Andrade C, Martin AJ, Garrido D. (2021): Modeling approaches for probing cross-feeding interactions in the human gut microbiome. *Comput Struct Biotechnol J*. DOI: 10.1016/j.csbj.2021.12.006.
- Schmidt R.; Schnitzer S. (2018): Allergie und Mikrobiota - Systemisches Krankheitsverständnis - Mikrobiologische Therapie. Karl F. Haug Verlag in Georg Thieme Verlag KG. Buch-DOI: 10.1055/b-004-140265.
- Sokol H, Pigneur B, Watterlot L, Lakhdari O, Bermúdez-Humarán LG, Gratadoux JJ, Blugeon S, Bridonneau C, Furet JP, Corthier G, Grangette C, Vasquez N, Pochart P, Trugnan G, Thomas G, Blottière HM, Doré J, Marteau P, Seksik P, Langella P (2008): Faecalibacterium prausnitzii is an anti-inflammatory commensal bacterium identified by gut microbiota analysis of Crohn disease patients. *Proc Natl Acad Sci U S A*. DOI:10.1073/pnas.0804812105.
- Swanson KS, Grieshop CM, Flickinger EA, Bauer LL, Chow J, Wolf BW, Garleb KA, Fahey GC Jr. (2002): Fructooligosaccharides and Lactobacillus acidophilus modify gut microbial populations, total tract nutrient digestibilities and fecal protein catabolite concentrations in healthy adult dogs. *J Nutr*. DOI: 10.1093/jn/132.12.3721.
- Werner M, Suchodolski JS, Lidbury JA, Steiner JM, Hartmann K, Unterer S (2021): Diagnostic value of fecal cultures in dogs with chronic diarrhea. *J Vet Intern Med*. DOI:org/10.1111/jvim.15982.

### Beiträge der mitwirkenden Autoren:

Design der Arbeit: KH, RG, Datenerhebung: KH, RG, Datenanalyse und -interpretation: JS, RG, KH, Manuskriptentwurf: JS, RG, KH.

### Korrespondenzadresse



#### Dr. rer. nat. Jennifer Scherzer

Laboklin GmbH & Co. KG  
Steubenstr. 4  
97688 Bad Kissingen  
scherzer@laboklin.com

2011 Abschluss des Studiengangs  
Diplom-Biologie an der Julius-  
Maximilians-Universität Würzburg

2015 Promotion an der Julius-Maximi-  
lian-Universität Würzburg

2016 Postdoktorand an der Universität  
Tasmanien (Australien)

2017 – 2022 Postdoktorand an der  
Julius-Maximilians-Universität  
Würzburg

Heute Anstellung bei Laboklin GmbH &  
Co KG in der Abteilung für Molekular-  
biologie

Schwerpunkt: Molekularbiologie

### Korrespondenzadresse



#### Dr. Karsten Hesse

Senior Technical Service Manager  
für Boehringer Ingelheim  
Bingerstr. 173, 55216 Ingelheim  
+49 (6132) 77-184834  
karsten.hesse@boehringer-Ingelheim.com

1987 – 1993 Studium der Veterinärme-  
dizin in Hannover und Gießen

1993 -1994 Promotion in Gießen am  
Institut für Veterinärphysiologie

1994 – 1995 Assistenzzeit Kleintiere in  
Edmonton (Kanada) und Aberystwyth  
(Wales)

Seit 1995 bis heute, in eigener Praxis  
(Kleintierzentrum Staufenberg)  
www.tiermedizin-drhesse.de

Betreuung mehrere Dissertations-  
arbeiten und wissenschaftlicher  
Arbeiten.

Seit 1998 Schlittenhundesportler  
· seit 2010 Chief Vet der World Sleddog  
Association

seit 2018 Regionaltierarzt und Referent  
für Boehringer Ingelheim

seit 2019 Technical Veterinary Manager  
für Boehringer Ingelheim

seit 2020 bis heute Senior Technical  
Service Manager für Boehringer  
Ingelheim