



**Empfehlung der ZKBS zur Risikobewertung von
Desulfitobacterium hafniense
als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV**

Allgemeines

Bei den Vertretern der Gattung *Desulfitobacterium* handelt es sich um Gram-positive Bakterien, die zu der Familie der *Peptococcaceae* innerhalb der Ordnung *Clostridiales* gehören. Die Isolierung der *Desulfitobacterium hafniense*-Stämme erfolgte aus verschiedenen Umweltbereichen wie Boden, Klärschlamm oder Süßwassersediment, wobei diese zumeist mit halogenierten, organischen Verbindungen kontaminiert waren [1-7], sowie aus den Fäzes einer gesunden Frau [8]. Ursprünglich auch als *D. frappieri*-Stämme benannt, belegen weitere taxonomische Analysen die nahe Verwandtschaft der Isolate untereinander und eine Spezieszuordnung zu *D. hafniense* [9]. Die stäbchenförmigen Bakterien zeichnen sich durch eine anaerobe Lebensweise aus, die je nach Isolat auch aerotolerant sein kann. Durch eine laterale Begeißelung sind die Bakterien beweglich. Optimale Wachstumsbedingungen liegen bei neutralen pH-Werten (pH 6,5 - 7,8) und Temperaturen zwischen 25 - 40 °C vor. Bei einigen der Stämme konnte eine Endosporenbildung gezeigt werden. Von besonderem Interesse ist die Fähigkeit der Umweltisolate, chlorhaltige Verbindungen durch Dehalogenierung zu verwerten. Als Elektronenakzeptoren können sie neben den halogenhaltigen, organischen Verbindungen z. B. auch Nitrat, Sulfit oder Metalle nutzen; als Elektronenspender dienen beispielsweise H₂, Format, Laktat oder Pyruvat [9]. Das Isolat aus den humanen Fäzes weist die Fähigkeit zur Dehalogenierung nicht auf. Diskutiert wird eine Anpassung des Stammes an eine Umgebung, in der halogenhaltige Verbindungen nicht vorherrschen, so dass alternative Elektronenakzeptoren genutzt werden. Die Genomsequenzierungen der *D. hafniense*-Stämme Y51 und DCB-2 [10,11] ermöglichen einen Überblick über die kodierenden Regionen. So verfügen die Bakterien über *Gen-cluster*, die ihnen eine Dehalogenierung, Metall-Reduktion, N₂- und CO₂-Fixierung, anaerobe Respiration, Sauerstoff-Toleranz, Sporenbildung und eine Biofilm-Bildung erlauben. Gene für Pathogenitätsdeterminanten wie Adhäsine, Invasine oder Toxine wurden nicht identifiziert [11].

Von der Berufsgenossenschaft Rohstoffe und chemische Industrie (BG RCI) werden *Desulfitobacterium hafniense*, wie auch die anderen bereits beschriebenen Spezies der Gattung *Desulfitobacterium*, der **Risikogruppe 1** zugeordnet [12]. In der ATCC-Stammsammlung ist *Desulfitobacterium hafniense* als *biosafety level 1*-Organismus geführt.

Bewertung

Gemäß § 5 Abs. 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird *Desulfitobacterium hafniense* als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 1** zugeordnet.

Begründung

Das Bakterium *Desulfitobacterium hafniense* ist hinsichtlich taxonomischer Verwandtschaft, Herkunft, Wachstumsbedingungen und Nährstoffansprüchen soweit charakterisiert, dass ein pathogenes Potenzial für Mensch, Tier und Umwelt nach derzeitigem Erkenntnisstand nicht zu erwarten ist.

Literatur

- [1] Madsen T, Licht D (1992). Isolation and characterization of an anaerobic chlorophenol-transforming bacterium. *Appl Environ Microbiol* **58**:2874-2878.
- [2] Christiansen N, Ahring BK (1996). *Desulfitobacterium hafniense* sp. nov., an anaerobic, reductively dechlorinating bacterium. *Int J Syst Bacteriol* **46**(2):442-448.
- [3] Bouchard B, Beaudet R, Villemur R, McSween G, Lepine F, Bisaillon JG (1996). Isolation and characterization of *Desulfitobacterium frappieri* sp. nov., an anaerobic bacterium which reductively dechlorinates Pentachlorophenol to 3-Chlorophenol. *Int J Syst Bacteriol* **46**(4):1010-1015.
- [4] Gerritse J, Drzyzga O, Kloetstra G, Keijmel M, Wiersum LP, Hutson R, Collins MD, Gottschal JC (1999). Influence of different electron donors and acceptors on dehalorespiration of tetrachloroethene by *Desulfitobacterium frappieri* TCE1. *Appl Environ Microbiol* **65**:5212-5221.
- [5] Miller E, Wohlfarth G, Diekert G (1997). Comparative studies on tetrachloroethene reductive dechlorination mediated by *Desulfitobacterium* sp. strain PCE-S. *Arch Microbiol* **168**:513-519.
- [6] Niggemyer A, Spring S, Stackebrandt E, Rosenzweig RF (2001). Isolation and characterization of a novel As(V)-reducing bacterium: Implications for arsenic mobilization and the genus *Desulfitobacterium*. *Appl Environ Microbiol* **67**(12):5568-5580.
- [7] Suyama A, Iwakiri R, Kai K, Tokunaga T, Sera N, and Furukawa K (2001). Isolation and characterization of *Desulfitobacterium* sp. strain Y51 capable of efficient dehalogenation of tetrachloroethene and polychloroethanes. *Biosci Biotechnol Biochem* **65**:1474-1481.
- [8] van de Pras BA, Harmsen HJM, Raangs GC, de Vos WM, Schraa G, Stams AJM (2001). A *Desulfitobacterium* strain isolated from human feces that does not dechlorinate chloroethenes or chlorophenols. *Arch Microbiol* **175**:389-394.
- [9] Villemur R, Lanthier M, Beaudet R, Lepine F (2006). The *Desulfitobacterium* genus. *FEMS Microbiol Rev* **30**:706-733.
- [10] Nonaka H, Keresztes G, Shinoda Y, Ikenaga Y, Abe M, Naito K, Inatomi K, Furukawa K, Inui M, Yukawa H (2006). Complete genome sequence of the dehalorespiring bacterium *Desulfitobacterium hafniense* Y51 and comparisons with *Dehalococcoides ethenogenes* 195. *J Bacteriol* **188**:2262-2274.
- [11] Kim SH, Harzman C, Davis JK, Hutcheson R, Broderick JB, Marsh TL, Tiedje JM (2012). Genome sequence of *Desulfitobacterium hafniense* DCB-2, a Gram-positive anaerobe capable of dehalogenation and metal reduction. *BMC Microbiol* **12**:21.
- [12] Technische Regeln für Biologische Arbeitsstoffe (466) Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen Ausgabe Dezember 2010, Ergänzung April 2012, GMBI Nr. 15-20 vom 25.04.2012, S. 380