

**Empfehlung der ZKBS zur Einstufung von *Vibrio campbellii*
als Spender- oder Empfängerorganismus
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV**

Allgemeines

Bei *Vibrio campbellii* (früher: *Beneckea campbellii*) handelt es sich um Gram-negative, bewegliche, stäbchenförmige Bakterien aus der Familie der *Vibrionaceae*. Das Bakterium gehört zur Harveyi-Klade der Gattung *Vibrio*, deren Vertreter weltweit verbreitet in Meer- und Brackwasser und Sedimenten, als Kommensale auf der Oberfläche oder als Teil der Intestinalflora von Meerestieren vorkommen [1; 2]. Einige Stämme von *V. campbellii* exprimieren ein funktionales Proteorhodopsin und können daher als photoorganoheterotroph betrachtet werden [3].

V. campbellii kann auch Infektionen von Krebstieren, Mollusken, Korallen und Fischen hervorrufen. Das Bakterium gilt vor allem in tropischen und subtropischen Gewässern als wirtschaftlich bedeutender Krankheitserreger von in Aquakultur produzierten Garnelen. Die Bakterien infizieren die abdominalen Muskeln und den Hepatopankreas der Garnelen und rufen eine Entzündung hervor [4]. Aufgrund der Biolumineszenz der Bakterien können bei Dunkelheit infizierte, grünlich leuchtende Garnelen beobachtet werden, so dass die Erkrankung auch als *luminous vibriosis* bezeichnet wird.

V. campbellii dient als Modellorganismus für Untersuchungen des bakteriellen *quorum sensing*. Als *quorum sensing* bezeichnet man die Messung und Regulation der Zelldichte innerhalb einer Bakterien- oder Pilzpopulation durch chemische Kommunikation. Durch *quorum sensing* wird in *V. campbellii* die Expression einiger Virulenzfaktoren beeinflusst. Wichtige Virulenzfaktoren für *V. campbellii* sind das Endotoxin Hämolysin, Siderophore, Typ-II- und Typ-III-Sekretionssysteme, die Komponenten des *quorum sensing*-Systems selbst sowie Exoenzyme wie Metalloproteasen, Phospholipasen, Lipasen, Kaseinasen, Gelatinasen und Chitinasen [5 - 9].

Die Spezies der Harveyi-Klade sind aufgrund ihres ähnlichen Phänotyps schwierig zu differenzieren, können jedoch taxonomisch unterschieden werden. Dazu werden Methoden genutzt, die auf der Analyse des Erbgutes beruhen, wie z. B. *multilocus sequence analysis*, DNA-DNA-Hybridisierung oder *comparative genomic hybridization* [10 - 14]. Die Genomsequenzen verschiedener Stämme liegen vor [15; 16], wobei die sequenzierten Stämme zuvor z. T. als *Vibrio harveyi*-Isolate fehlidentifiziert worden waren [17].

In den Technischen Regeln für biologische Arbeitsstoffe 466 wird *Vibrio campbellii* der Risikogruppe 1 mit dem Hinweis „n2“¹ zugeordnet [18].

Empfehlung

Gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird *Vibrio campbellii* als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten in die **Risikogruppe 2** eingestuft.

¹ „Wegen der Pathogenität für wirbellose Tiere können Sicherheitsmaßnahmen erforderlich werden, die, vergleichbar mit den Sicherheitsmaßnahmen der Schutzstufe 2, ein Entweichen des Prokaryonten in die äußere Umgebung bzw. in andere Arbeitsbereiche minimieren.“

Begründung

Bei *V. campbellii* handelt es sich um ein Bakterium, das pathogen für marine Invertebraten und Vertebraten ist.

Literatur

1. **Thompson FL, Iida T, Swings J** (2004). Biodiversity of Vibrios. *Microbiol Molecular Biol Rev.* **68**(3):403-31.
2. **O'Brien CH, Sizemore RK** (1979). Distribution of the luminous bacterium *Beneckeia harveyi* in a semitropical estuarine environment. *Appl Env Microbiol.* **38**(5):928-33.
3. **Wang Z, O'Shaughnessy TJ, Soto CM, Rahbar AM, Robertson KL, Lebedev N, Vora GJ** (2012). Function and regulation of *Vibrio campbellii* proteorhodopsin: acquired phototrophy in a classical organoheterotroph. *PLoS one.* **7**(6):e38749.
4. **Wang L, Chen Y, Huang H, Huang Z, Chen H, Shao Z** (2015). Isolation and identification of *Vibrio campbellii* as a bacterial pathogen for luminous vibriosis of *Litopenaeus vannamei*. *Aquacult Res.* **46**(2):395-404.
5. **Henke JM, Bassler BL** (2004). Quorum sensing regulates type III secretion in *Vibrio harveyi* and *Vibrio parahaemolyticus*. *J Bacteriol.* **186**(12):3794-805.
6. **Natrah FM, Ruwandeepika HA, Pawar S, Karunasagar I, Sorgeloos P, Bossier P, Defoirdt T** (2011). Regulation of virulence factors by quorum sensing in *Vibrio harveyi*. *Vet Microbiol.* **154**(1-2):124-9.
7. **Lilley BN, Bassler BL** (2000). Regulation of quorum sensing in *Vibrio harveyi* by LuxO and sigma-54. *Mol Microbiol.* **36**(4):940-54.
8. **Defoirdt T, Darshanee Ruwandeepika HA, Karunasagar I, Boon N, Bossier P** (2010). Quorum sensing negatively regulates chitinase in *Vibrio harveyi*. *Environment Microbiol Rep.* **2**(1):44-9.
9. **Pande GS, Natrah FM, Sorgeloos P, Bossier P, Defoirdt T** (2013). The *Vibrio campbellii* quorum sensing signals have a different impact on virulence of the bacterium towards different crustacean hosts. *Vet Microbiol.* **167**(3-4):540-5.
10. **Sawabe T, Ogura Y, Matsumura Y, Feng G, Amin AR, Mino S, Nakagawa S, Sawabe T, Kumar R, Fukui Y, Satomi M, Matsushima R, Thompson FL, Gomez-Gil B, Christen R, Maruyama F, Kurokawa K, Hayashi T** (2013). Updating the *Vibrio* clades defined by multilocus sequence phylogeny: proposal of eight new clades, and the description of *Vibrio tritonius* sp. nov. *Front Microbiol.* **4**:414.
11. **Pascual J, Macian MC, Arahal DR, Garay E, Pujalte MJ** (2010). Multilocus sequence analysis of the central clade of the genus *Vibrio* by using the 16S rRNA, *recA*, *pyrH*, *rpoD*, *gyrB*, *rctB* and *toxR* genes. *Int J Syst Evol Microbiol.* **60**(Pt 1):154-65.
12. **Thompson FL, Gevers D, Thompson CC, Dawyndt P, Naser S, Hoste B, Munn CB, Swings J** (2005). Phylogeny and molecular identification of vibrios on the basis of multilocus sequence analysis. *Appl Env Microbiol.* **71**(9):5107-15.
13. **Gomez-Gil B, Thompson FL, Thompson CC, Swings J** (2003). *Vibrio rotiferianus* sp. nov., isolated from cultures of the rotifer *Brachionus plicatilis*. *Int J Syst Evol Microbiol.* **53**(1):239-43.
14. **Reichelt JL, Baumann P, Baumann L** (1976). Study of genetic relationships among marine species of the genera *Beneckeia* and *Photobacterium* by means of in vitro DNA/DNA hybridization. *Archives Microbiol.* **110**(1):101-20.
15. **Dias GM, Thompson CC, Fishman B, Naka H, Haygood MG, Crosa JH, Thompson FL** (2012). Genome sequence of the marine bacterium *Vibrio campbellii* DS40M4, isolated from open ocean water. *J Bacteriol.* **194**(4):904.
16. **Amaral GR, Silva BS, Santos EO, Dias GM, Lopes RM, Edwards RA, Thompson CC, Thompson FL** (2012). Genome sequence of the bacterioplanktonic, mixotrophic *Vibrio campbellii* strain PEL22A, isolated in the Abrolhos Bank. *J Bacteriol.* **194**(10):2759-60.
17. **Lin B, Wang Z, Malanoski AP, O'Grady EA, Wimpee CF, Vuddhakul V, Alves JN, Thompson FL, Gomez-Gil B, Vora GJ** (2010). Comparative genomic analyses identify the *Vibrio harveyi*

genome sequenced strains BAA-1116 and HY01 as *Vibrio campbellii*. *Environ Microbiol Rep.* **2**(1):81-9.

18. **TRBA** (2013). Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen (TRBA 466). <http://www.baua.de/de/Themen-von-A-Z/Biologische-Arbeitsstoffe/TRBA/TRBA-466.html>. 18-5-2016.