

**Empfehlung der ZKBS zur Risikobewertung von *Luteibacter* spp.
als Spender- oder Empfängerorganismen
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV**

Allgemeines

Die Gattung *Luteibacter* innerhalb der Familie *Rhodanobacteraceae* (früher: *Xanthomonadaceae*) wurde 2005 etabliert. Die Typusart der Gattung ist *Luteibacter rhizovicius*, welches aus der Rhizosphäre von Frühlingsgerste isoliert wurde [1]. Daneben gehören inzwischen auch die Spezies *L. yeojuensis* (früher *Dyella yeojuensis*) [2], *L. anthropi* [3], die provisorischen Spezies *L. jiangsuensis* [4] und *L. pinisoli* [5] sowie weitere Isolate ohne Speziesbezeichnung zu der Gattung. Die Bakterien sind der Klasse der Gammaproteobakterien zugeordnet.

Die meisten Vertreter der Gattung *Luteibacter* wurden aus Bodenproben der Rhizosphäre isoliert [1,2,4-6], wobei einige Isolate als intrazelluläre, bakterielle Endosymbionten (endohyphale Bakterien) diverser Schlauchpilze oder der Wurzeln von Kulturpflanzen charakterisiert wurden [7-9]. Allerdings sind auch Isolate beschrieben, die aus humanen Proben isoliert wurden (z. B. *L. anthropi*) [3].

Die Spezies der Gattung *Luteibacter* besitzen ein vergleichsweise kleines Genom (etwa 4,61 Mb für *L. pinisoli* und 4,77 Mb für *L. rhizovicius*) [10-11]. Es handelt sich um aerobe, Gram-negative, kurze, bewegliche Stäbchen, die eine Oxidase- und in Einzelfällen auch Katalase-Aktivität aufweisen. Geeignete Wachstumsbedingungen finden *Luteibacter* spp. in einem Temperaturbereich von 5 bis 30 °C (*L. anthropi* auch 37 °C), bei mittleren pH-Werten (4,5 – 9,5) sowie NaCl-Konzentrationen von maximal 5 % (w/v) [1-5].

Die Bakterien sind nicht als Pflanzenpathogene bekannt. Tatsächlich wird beschrieben, dass ihre Besiedelung das Pflanzenwachstum fördert [12] und leicht bis mäßig gegen die pflanzenpathogenen Pilze *Fusarium oxysporum*, *F. culmorum* und *Rhizoctonia solani* wirkt, da deren Wachstum beeinträchtigt ist [9,13].

Bis heute wurde das Bakterium nicht explizit mit humanen Erkrankungen assoziiert. Allerdings wurde 2009 erstmalig ein Isolat von *L. anthropi* aus dem Blut eines Menschen beschrieben. In der Erstbeschreibung werden keine Angaben zu Gesundheitszustand bzw. zugrunde liegenden Erkrankungen des Patienten gemacht. Die Charakterisierung ergab, dass *L. anthropi* zwischen 20 und 38 °C wachsen kann [3]. Bereits 2006 wurde in einem *case report* ein *Luteibacter* sp.-Isolat aus dem Blut eines immunsupprimierten 82-jährigen Patienten mit Myelodysplastischem Syndrom beschrieben, welcher verschiedene Blutprodukte erhalten hatte und danach Fieber entwickelte. Es wird vermutet, dass eine Infektion über den zentralen Venenkatheter (ZVK) erfolgte, da auch ein Abstrich vom ZVK positiv auf das Bakterium getestet wurde, während Proben der transfundierten Blutprodukte steril waren. Man geht davon aus, dass es sich um eine opportunistische Katheter-bedingte Infektion handelt. Die Identifizierung als Spezies von *Luteibacter* erfolgte dabei über den Vergleich der 16S rRNA, allerdings war eine Zuordnung zu einer der bis 2006 bekannten *Luteibacter*-Spezies nicht

möglich [14]. Eine gesicherte Zuordnung zu einer Spezies ist weiterhin nicht möglich. Die größte Ähnlichkeit der 16S rRNA besteht zu der von *L. rhizovicinus*.

L. rhizovicinus und *L. yejuensis* werden in den Technischen Regeln für biologische Arbeitsstoffe „Einstufung von Prokaryoten (Bacteria und Archaea)“ (TRBA 466) der **Risikogruppe 1** zugeordnet, während *L. anthropi* der **Risikogruppe 1,+** zugeordnet ist. Das „+“ bedeutet, dass dieses Bakterium in Einzelfällen als Krankheitserreger, überwiegend bei erheblich abwehrgehinderten Menschen, nachgewiesen oder vermutet wird, wobei eine Identifizierung der Art oft nicht zuverlässig ist [15].

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV werden *Luteibacter* spp. außer *Luteibacter anthropi* als Spender- und Empfängerorganismen für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 1** zugeordnet.

Die Spezies *Luteibacter anthropi* wird der **Risikogruppe 2** zugeordnet.

Begründung

Bei Spezies der Gattung *Luteibacter* handelt es sich um Bakterien, die größtenteils aus Bodenproben isoliert werden. Aufgrund der Wachstumsbedingungen und Nährstoffansprüche ist eine Pathogenität für den Menschen, außer für *L. anthropi*, nicht anzunehmen.

Ein Isolat von *L. anthropi* wurde aus dem Blut eines ggf. immunkompetenten Kindes isoliert. Außerdem vermehrt sich *L. anthropi* im Gegensatz zu den anderen beschriebenen *Luteibacter* spp. bei Wachstumsbedingungen, die den physiologischen Bedingungen bei einer Infektion des Menschen entsprechen. Gemäß der in der Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung von bakteriellen Umweltisolaten bei gentechnischen Arbeiten (Az. 6790-10-43 vom Februar 1996) aufgeführten Kriterien kann somit ein geringes Gefährdungspotential für den Menschen nicht ausgeschlossen werden.

Literatur

- [1] **Johansen et al. (2005)**. *Luteibacter rhizovicinus* gen. nov., sp. nov., a yellow-pigmented gammaproteobacterium isolated from the rhizosphere of barley (*Hordeum vulgare* L.). *Int J Syst Evol Microbiol* **55** (Pt 6):2285-91.
- [2] **Kim et al. (2006)**. *Dyella yejuensis* sp. nov., isolated from greenhouse soil in Korea. *Int J Syst Evol Microbiol* **56** (Pt 9):2079-82.
- [3] **Kämpfer et al. (2009)**. *Luteibacter anthropi* sp. nov., isolated from human blood, and reclassification of *Dyella yejuensis* Kim et al. 2006 as *Luteibacter yejuensis* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* **59** (Pt 11):2884-7.
- [4] **Wang et al. (2011)**. *Luteibacter jiangsuensis* sp. nov.: a methamidophos-degrading bacterium isolated from a methamidophos-manufacturing factory. *Curr Microbiol* **62**(1):289-95.
- [5] **Akter et al. (2018)**. *Luteibacter pinisoli* sp. nov., a casein degrading bacterium isolated from rhizospheric soil of *Pinus koraiensis*. *Arch Microbiol* **200**(7):1017-23.
- [6] **Lasa et al. (2019)**. Bacteria from the endosphere and rhizosphere of *Quercus* spp. use mainly cell wall-associated enzymes to decompose organic matter. *PLoS One* **14**(3):e0214422.
- [7] **Arendt et al. (2016)**. Isolation of endohyphal bacteria from foliar Ascomycota and in vitro establishment of their symbiotic associations. *Appl Environ Microb* **82**(10):2943-9.
- [8] **Baltrus et al. (2017)**. Absence of genome reduction in diverse, facultative endohyphal bacteria. *Microb Genom* **3**(2):e000101.

- [9] **Benoit et al. (2021)**. Identification and characterization of Vietnamese coffee bacterial endophytes displaying in vitro antifungal and nematicidal activities. *Microbiol Res* **242**:126613.
- [10] **Aamot et al. (2016)**. Complete genome sequence of *Luteibacter rhizovicius* strain LJ96T, isolated from the rhizosphere of barley (*Hordeum vulgare* L.) in Denmark. *Genom Data* **11**:104-5.
- [11] **Baltrus et al. (2019)**. Complete Genome Sequence of *Luteibacter pinisoli* MAH-14. *Microbiol Resour Announc* **8(29)**:e00774-19.
- [12] **Guglielmetti et al. (2013)**. *Luteibacter rhizovicius* MIMR1 promotes root development in barley (*Hordeum vulgare* L.) under laboratory conditions. *World J Microbiol Biotechnol* **29(11)**:2025-32.
- [13] **de Boer et al. (2007)**. In vitro suppression of fungi caused by combinations of apparently non-antagonistic soil bacteria. *FEMS Microbiol Ecol* **59(1)**:177-85.
- [14] **LaSala et al. (2007)**. First Reported Infections Caused by Three Newly Described Genera in the Family *Xanthomonadaceae*. *J Clin Microbiol* **45(2)**:641-4.
- [15] Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen (TRBA 466) Ausgabe: August 2015 GMBI. Nr. 46-50 vom 25. August 2015, S. 910, 7. Änderung: GMBI. Nr. 19 vom 5. Juni 2020, S. 371.