

**Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung von  
*Eubacterium limosum* als Spender- und Empfängerorganismus  
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV**

### Allgemeines

*Eubacterium limosum* ist ein Gram-positives, obligat anaerobes, nicht bewegliches, nicht sporenbildendes, stäbchenförmiges Bakterium aus der Familie *Eubacteriaceae* [1, 2]. Die Spezies gehört zu den acetogenen Bakterien und ist in der Lage, verschiedene C1-Kohlenstoffquellen zu verwerten und höherwertige Kohlenwasserstoffe wie Butyrat zu bilden [1].

Das Bakterium kommt im Verdauungstrakt verschiedener Säugetiere einschließlich des Menschen, sowie in Klärschlämmen vor [3–5]. Es wächst im Temperaturbereich zwischen 30 und 45 °C sowie bei pH-Werten zwischen 5 und 7,5, wobei das Wachstumsoptimum bei 37 °C und einem pH-Wert von 7 liegt [2].

*E. limosum* ist als seltener Erreger von Bakteriämien bei Patienten mit geschwächtem Immunsystem und bei abwehrgesunden Patienten beschrieben [6, 7]. Allerdings erfolgte die Identifikation des Erregers initial nur phänotypisch und/oder durch Sequenzierung des 16S rRNA-Gens und Abgleich mit entsprechenden Datenbankeinträgen. Zum Zeitpunkt der Publikationen wurde der Stamm KIST612 als Referenzstamm für *E. limosum* angegeben. Jedoch wurde der Stamm nach neueren phylogenetischen Untersuchungen der Spezies *Eubacterium callanderi* zugeordnet [8, 9]. Zur Unterscheidung zwischen *E. limosum* und *E. callanderi* ist aufgrund der phänotypischen und morphologischen Ähnlichkeit beider Spezies eine Genomsequenzierung notwendig, da selbst mittels Matrix-unterstütztem Laser-Desorption/Ionisations-Verfahren mit Flugzeitanalyse keine eindeutige Identifikation möglich ist [10, 11]. Es ist daher davon auszugehen, dass die beschriebenen Infektionen *E. callanderi* zuzuordnen sind. Bisher gibt es keine Hinweise darauf, dass Gene für Virulenzfaktoren oder Toxine im Genom von *E. limosum* vorliegen [8, 12, 13].

In der TRBA 466 „Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen“ wurde *E. limosum* bis August 2019 der Risikogruppe 2 zugeordnet. Mit der 4. Änderung der TRBA vom 14.08.2019 wurde die Spezies der Risikogruppe 1 zugeordnet und mit der Bemerkung „+<sup>1</sup> versehen [14].

---

<sup>1</sup> In Einzelfällen als Krankheitserreger nachgewiesen oder vermutet, überwiegend bei erheblich abwehrgehinderten Menschen; Identifizierung der Art oft nicht zuverlässig.

## Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien in Anlage 1 GenTSV wird *Eubacterium limosum* als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 1** zugeordnet.

## Begründung

Für *E. limosum* liegen bisher keine wissenschaftlich fundierten Hinweise auf ein Gefährdungspotential für den Menschen, Tiere, Pflanzen und die Umwelt in ihrem Wirkungsfeld vor.

## Literatur

1. **Genthner BR, Bryant MP** (1982). Growth of *Eubacterium limosum* with Carbon Monoxide as the Energy Source. *Appl Environ Microbiol* **43**(1):70–4.
2. **Kelly WJ, Henderson G, Pacheco DM, Li D, Reilly K, Naylor GE, Janssen PH, Attwood GT, Altermann E, Leahy SC** (2016). The complete genome sequence of *Eubacterium limosum* SA11, a metabolically versatile rumen acetogen. *Stand Genomic Sci* **11**(1):1–9.
3. **Genthner BR, Davis CL, Bryant MP** (1981). Features of rumen and sewage sludge strains of *Eubacterium limosum*, a methanol- and H<sub>2</sub>-CO<sub>2</sub>-utilizing species. *Appl Environ Microbiol* **42**(1):12–9.
4. **Stalder GL, Pinior B, Zwirzitz B, Loncaric I, Jakupović D, Vetter SG, Smith S, Posautz A, Hoelzl F, Wagner M, Hoffmann D, Kübber-Heiss A, Mann E** (2019). Gut microbiota of the European Brown Hare (*Lepus europaeus*). *Sci Rep* **9**(1):1–14.
5. **Schwartz A, Le Blay G, Blaut Michael M** (2000). Quantification of Different *Eubacterium* spp. in Human Fecal Samples with Species-Specific 16S rRNA-Targeted Oligonucleotide Probes. *Appl Environ Microbiol* **66**(1):375–82.
6. **Sungkanuparph S, Chansirikarnjana S, Vorachit M** (2002). *Eubacterium* bacteremia and colon cancer. *Scand J Infect Dis* **34**(12):941–3.
7. **Lee M-R, Huang Y-T, Liao C-H, Chuang T-Y, Wang W-J, Lee S-W, Lee L-N, Hsueh P-R** (2012). Clinical and microbiological characteristics of bacteremia caused by *Eggerthella*, *Paraeggerthella*, and *Eubacterium* species at a university hospital in Taiwan from 2001 to 2010. *J Clin Microbiol* **50**(6):2053–5.
8. **Flaiz M, Poehlein A, Wilhelm W, Mook A, Daniel R, Dürre P, Bengelsdorf FR** (2024). Refining and illuminating acetogenic *Eubacterium* strains for reclassification and metabolic engineering. *Microb Cell Fact* **23**(1):1–18.
9. **Kim J-Y, Kang B, Oh S, Gil Y, Choi I-G, Chang IS** (2023). Genome-Based Reclassification of Strain KIST612, Previously Classified as *Eubacterium limosum*, into a New Strain of *Eubacterium callanderi*. *J Microbiol Biotechnol* **33**(8):1084–90.
10. **Bläckberg A, Holm K, Liderot K, Nilson B, Sunnerhagen T** (2024). *Eubacterium* bacteremia – a retrospective observational study of a seldom found anaerobic pathogen. *Diagn Microbiol Infect Dis* **108**(4):1–4.
11. **Zhou C, Schwee C, Matovu RE, Wiley JD, Wiley MR, Berning BJ, Iwen PC, Fey PD** (2024). *Eubacterium callanderi* bacteremia: A case report. *IDCases* **36**:1–4.
12. **Song Y, Shin J, Jeong Y, Jin S, Lee J-K, Kim DR, Kim SC, Cho S, Cho B-K** (2017). Determination of the Genome and Primary Transcriptome of Syngas Fermenting *Eubacterium limosum* ATCC 8486. *Sci Rep* **7**(1):1–10.
13. **Pregon G, Minton NP, Soucaille P** (2022). Genome Sequence of *Eubacterium limosum* B2 and Evolution for Growth on a Mineral Medium with Methanol and CO<sub>2</sub> as Sole Carbon Sources. *Microorganisms* **10**(9):1–24.

14. **TRBA (2023)**. Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen (TRBA 466)  
<https://www.baua.de/DE/Angebote/Regelwerk/TRBA/TRBA-466.html>. Besucht am 10.06.2024.