

**Empfehlung der ZKBS zur Risikobewertung von *Advenella mimigardefordensis*
als Spender- oder Empfängerorganismus
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV**

Allgemeines

Advenella mimigardefordensis ist ein Vertreter der β -Proteobakterien aus der Familie der *Alcaligenaceae*. Das Bakterium wurde aus Kompost isoliert und ursprünglich als *Tetrathlobacter mimigardefordensis* bezeichnet [1]. Auf Grundlage vergleichender Untersuchungen der 16S rRNA-Gensequenz sowie phänotypischer Eigenschaften wird *A. mimigardefordensis* inzwischen der Gattung *Advenella* zugeordnet. Zu dieser zählen des Weiteren auch *A. kashmirensis*, *A. faeciporci*, *A. incenata* und *A. alkanexedens* [2].

Bei den meisten Vertretern der Gattung *Advenella* handelt es sich um Umweltisolate, für die keine Hinweise auf ein pathogenes Potential vorliegen. Jedoch konnte die Spezies *A. incenata* in Sputumproben von Patienten mit zystischer Fibrose, in humanen Blut- bzw. Wundabstrichproben und in einer Blutprobe, welche von einem Pferd stammte, nachgewiesen werden [3].

Bei *A. mimigardefordensis* handelt es sich um Gram-negative, neutrophile, kokkoide Stäbchen (1,5 – 2,0 μm), welche in einem Temperaturbereich von 10 – 42 °C wachsen. Das Wachstumsoptimum liegt bei 30 – 37 °C. Sie ernähren sich sowohl chemolithotroph als auch chemoorganotroph. Die Bakterien sind Oxidase-, Katalase- und Urease-positiv. Der Typusstamm DPN7^T von *A. mimigardefordensis* hat eine Genomlänge von 4741 kb mit 4112 potentiellen *open reading frames* (ORF) [GenBank: CP003915.1]. Zusätzlich enthält DPN7^T ein Plasmid mit einer Größe von ca. 24 kb, auf welchem möglicherweise 24 weitere ORF liegen [4].

A. mimigardefordensis wurde gemäß der Kriterien der „Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung von bakteriellen Umweltisolaten bei gentechnischen Arbeiten“ (Az. 6790-10-43) aufgrund seiner Wachstums- und physiologischen Eigenschaften im Jahr 2006 von der ZKBS als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten vorsorglich in die **Risikogruppe 2** eingestuft.

Aufgrund seiner Eigenschaft, organische Schwefelverbindungen wie das synthetische Disulfid 3,3'-Dithiodipropionsäure (DTDP) als alleinige Kohlenstoffquelle nutzen zu können, hat insbesondere der Typusstamm *A. mimigardefordensis* DPN7^T in den vergangenen Jahren Anwendung in vielfältigen Untersuchungen gefunden [4 - 8]. Hinweise auf eine Pathogenität liegen nicht vor.

In der Technischen Regel für Biologische Arbeitsstoffe 466 "Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen" wird *A. mimigardefordensis* der Risikogruppe 1 zugeordnet [9].

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird *Advenella mimigardefordensis* als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 1** zugeordnet.

Begründung

A. mimigardefordensis wurde aus der Umwelt isoliert und findet bereits langjährig Anwendung in der biotechnologischen Forschung. Es gibt keine Hinweise auf ein pathogenes Potential.

Literatur

1. **Wübbeler et al.**, 2006. *Tetrathio bacter mimigardefordensis* sp. nov., isolated from compost, a betaproteobacterium capable of utilizing the organic disulfide 3,3'-dithiodipropionic acid. *Int J Syst Evol Microbiol.* **56**:1305–1310.
2. **Gibello et al.**, 2009. Reclassification of the members of the genus *Tetrathio bacter* Ghosh et al. 2005 to the genus *Advenella* Coenye et al. 2005. *Int J Syst Evol Microbiol.* **59**(Pt 8):1914-8.
3. **Coenye et al.**, 2005. *Advenella incenata* gen. nov., sp. nov., a novel member of the *Alcaligenaceae*, isolated from various clinical samples. *Int J Syst Evol Microbiol.* **55**(Pt 1):251-6.
4. **Wübbeler et al.**, 2008. Novel Pathway for Catabolism of the Organic Sulfur Compound 3,3'-Dithiodipropionic Acid via 3-Mercaptopropionic Acid and 3-Sulfinopropionic Acid to Propionyl-Coenzyme A by the Aerobic Bacterium *Tetrathio bacter mimigardefordensis* Strain DPN7. *Appl Environ Microbiol.* **74**(13):4028–4035.
5. **Xia et al.**, 2012. Employing a recombinant strain of *Advenella mimigardefordensis* for biotechnical production of Homopolythioesters from 3,3'-dithiodipropionic acid. *Appl Environ Microbiol.* **78**(9):3286–3297.
6. **Schürmann et al.**, 2013. A Novel 3-Sulfinopropionyl Coenzyme A (3SP-CoA) Desulfinate from *Advenella mimigardefordensis* Strain DPN7^T Acting as a Key Enzyme during Catabolism of 3,3'-Dithiodipropionic Acid Is a Member of the Acyl-CoA Dehydrogenase Superfamily. *J Bacteriol.* **195**(7):1538–1551.
7. **Wübbeler et al.**, 2014. Unravelling the complete genome sequence of *Advenella mimigardefordensis* strain DPN7^T and novel insights in the catabolism of the xenobiotic polythioester precursor 3,3'-dithiodipropionate. *Microbiology.* **160**(Pt 7):1401-16.
8. **Meinert et al.**, 2017. Proteomic analysis of organic sulfur compound utilisation in *Advenella mimigardefordensis* strain DPN7^T. *PLoS One.* **12**(3):e0174256.
9. **TRBA** (2017). Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen (TRBA 466). <https://www.baua.de/DE/Angebote/Rechtstexte-und-Technische-Regeln/Regelwerk/TRBA/TRBA-466.html>