

Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung von
***Brachyspira hyodysenteriae* als Spender- und Empfängerorganismus**
gemäß § 5 Abs. 1 GenTSV

Allgemeines

Brachyspira hyodysenteriae ist ein Gram-negatives, chemoorganotrophes, anaerobes, nicht sporenbildendes, bewegliches und spirochätenförmiges Bakterium aus der Familie *Brachyspiraceae* [1]. Die Spezies wurde erstmalig 1971 beschrieben und zunächst der Gattung *Serpulina* zugeordnet [2]. Auf Basis phylogenetischer Untersuchungen erfolgte 1997 die Zuordnung zur Gattung *Brachyspira* [1].

Das Bakterium ist weltweit in Populationen von Schweinen verbreitet und vor allem bei Mastschweinen als Erreger von Dysenterie beschrieben [2, 3]. Hierbei handelt es sich um eine infektiöse Entzündung des Dickdarms, die mit Schmerzen, Gewichtsverlust, Diarrhoe und einer erhöhten Mortalität einhergeht [2, 3]. Zudem kommt *B. hyodysenteriae* weltweit endemisch in Hühner- und Stockentenpopulationen vor [4, 5]. Experimentelle und natürliche Infektionen bei Hühnern führen ebenfalls zu einer mit Diarrhoe einhergehenden Darmentzündung [4, 6]. Endemisch kolonisierte Stockenten zeigen keine Krankheitssymptome [5]. Eine Schutzimpfung gegen *B. hyodysenteriae*-Infektionen steht nicht zur Verfügung. Zur Eindämmung von Erkrankungen werden infizierte Tiere mit Pleuromutilin-Derivaten behandelt und ergänzend nicht-pharmazeutische Hygienemaßnahmen angewandt [7, 8].

Die Genomsequenzen mehrerer Isolate liegen vor [3, 9]. Neben einzelnen Genen für Hämolysine sind im Genom von *B. hyodysenteriae* keine für Gram-negative Bakterien typischen Virulenzfaktoren kodiert [3, 10].

In der TRBA 466 „Einstufung von Prokaryoten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen“ wird *B. hyodysenteriae* der Risikogruppe 2 mit der Bemerkung „t“¹ zugeordnet [11].

¹ t: Pathogen für Wirbeltiere; der Mensch wird unter natürlichen Bedingungen nicht befallen. Wegen der geringen Wirtsspezifität pathogener Prokaryonten können allerdings auch von den meisten primär nur tierpathogenen Arten bei Arbeiten mit hohen Erregerkonzentrationen Infektionsgefahren für die Beschäftigten ausgehen. Solche Arten wurden deshalb der Risikogruppe 2 mit der Zusatzbemerkung „t“ zugeordnet. Ist ein Prokaryont unter natürlichen Bedingungen sowohl human- als auch tierpathogen, wird die Kennzeichnung mit „ht“ verwendet.

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien in Anlage 1 GenTSV wird *Brachyspira hyodysenteriae* als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 2** zugeordnet.

Begründung

Bei *B. hyodysenteriae* handelt es sich um einen weltweit verbreiteten Dysenterieerreger bei Mastschweinen und Hühnern. Infektionen sind in der Regel gut behandelbar.

Literatur

1. **Ochiai S, Adachi Y, Mori K** (1997). Unification of the genera *Serpulina* and *Brachyspira*, and proposals of *Brachyspira hyodysenteriae* Comb. Nov., *Brachyspira innocens* Comb. Nov. and *Brachyspira pilosicoli* Comb. Nov. *Microbiol Immunol* **41**(6):445–52.
2. **Taylor DJ, Alexander TJ** (1971). The production of dysentery in swine by feeding cultures containing a spirochaete. *Br Vet J* **127**(11):58–61.
3. **Hakimi M, Ye F, Saxena A, Hu X, Shen H, Elankumaran P, Stinman CC, Macedo N, Sahin O, Burrough ER, Li G** (2025). Genomic insights into the population structure, antimicrobial resistance, and virulence of *Brachyspira hyodysenteriae* from diverse geographical regions. *Microbiol Spectrum* **13**(6):1-15.
4. **Feberwee A, Hampson DJ, Phillips ND, La T, van der Heijden HMJF, Wellenberg GJ, Dwars RM, Landman WJM** (2008). Identification of *Brachyspira hyodysenteriae* and other pathogenic *Brachyspira* species in chickens from laying flocks with diarrhea or reduced production or both. *J Clin Microbiol* **46**(2):593–600.
5. **Jansson DS, Johansson K-E, Olofsson T, Råsbäck T, Vågsholm I, Pettersson B, Gunnarsson A, Fellström C** (2004). *Brachyspira hyodysenteriae* and other strongly beta-haemolytic and indole-positive spirochaetes isolated from mallards (*Anas platyrhynchos*). *J Med Microbiol* **53**(Pt 4):293–300.
6. **Sueyoshi M, Adachi Y** (1990). Diarrhea induced by *Treponema hyodysenteriae*: a young chick cecal model for swine dysentery. *Infect Immun* **58**(10):3348–62.
7. **Boye M, Baloda SB, Leser TD, Møller K** (2001). Survival of *Brachyspira hyodysenteriae* and *B. pilosicoli* in terrestrial microcosms. *Vet Microbiol* **81**(1):33–40.
8. **Alvarez-Ordóñez A, Martínez-Lobo FJ, Arguello H, Carvajal A, Rubio P** (2013). Swine dysentery: aetiology, pathogenicity, determinants of transmission and the fight against the disease. *Int J Environ Res Public Health* **10**(5):1927–47.
9. **Bellgard MI, Wanchanthuek P, La T, Ryan K, Moolhuijzen P, Albertyn Z, Shaban B, Motro Y, Dunn DS, Schibeci D, Hunter A, Barrero R, Phillips ND, Hampson DJ** (2009). Genome sequence of the pathogenic intestinal spirochete *Brachyspira hyodysenteriae* reveals adaptations to its lifestyle in the porcine large intestine. *PLoS One* **4**(3):1-12.
10. **Virulence Factor Database**. VFDB search: *Brachyspira hyodysenteriae* genome accession number GCA_000022105.1, GCA_001676785.2 und GCA_033555435.1. http://www.mgc.ac.cn/VFs/search_VFs.htm. Geprüft am 12.06.2026.
11. **Ausschuss für Biologische Arbeitsstoffe** (2026). TRBA 466 „Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen“. <https://www.baua.de/DE/Angebote/Regelwerk/TRBA/TRBA-466>. Geprüft am 21.05.2026.