

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

Allgemeines

Clostridium tarantellae ist ein Gram-positives, anaerobes, chemoorganotrophes, sporenbildendes, nicht bewegliches und stäbchenförmiges Bakterium aus der Familie *Clostridiaceae* [1]. Die Spezies wurde erstmalig 1977 beschrieben und zunächst der Gattung *Eubacterium* zugeordnet [2]. Auf Basis phylogenetischer Untersuchungen erfolgte 2016 die Zuordnung zur Gattung *Clostridium* [1].

Das Bakterium kommt in verschiedenen Wirbeltieren einschließlich des Menschen vor [2–5]. Es wächst in einem Temperaturbereich zwischen 15 bis 40 °C, bei einem pH zwischen 5,6 und 8,0 und einer Salinität von 0 bis 2 % NaCl (w/v), wobei das Wachstumsoptimum zwischen 25 und 37 °C liegt [1].

C. tarantellae wurde als Erreger schwerer Erkrankungen in Fischen, darunter Großkopfmeeräsen, Snooks und Golfflundern, sowie Marderhunden identifiziert [3, 6]. Experimentell infizierte Fische zeigten dunkle Pigmente auf der Haut und ein taumelndes Verhalten im Wasser. Im späteren Infektionsverlauf verloren die Tiere ihren Orientierungssinn und verstarben [6]. Infizierte Marderhunde verstarben in Folge langanhaltender Appetitlosigkeit und wiesen nekrotische Gewebeveränderungen an Herz, Niere, Milz und Leber auf [3]. Meerschweinchen, die mit einer nicht näher beschriebenen Infektionsdosis *C. tarantellae* intraperitoneal infiziert worden waren, zeigten keine Krankheitssymptome [2].

Bei zwei Patienten, die aufgrund einer onkologischen Erkrankung bzw. immunsupprimierender medikamentöser Therapie als abwehrgeschwächt anzusehen sind, wurde *C. tarantellae* als Ursache einer Wirbelkörper- und Bandscheibeninfektion [5] bzw. septischen Arthritis [4] identifiziert. Infektionen sind durch Gabe von Metronidazol und Amoxicillin behandelbar.

Die Genomsequenz des Typusstammes liegt vor [7]. Neben einzelnen Genen, kodierend für Hämolsine, sind im Genom des Typusstammes keine *Clostridium*-typischen Virulenzfaktoren kodiert [7, 8].

In der TRBA 466 „Einstufung von Prokaryoten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen“ wird *C. tarantellae* der Risikogruppe 2 mit der Anmerkung „t¹“ zugeordnet [9].

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

Empfehlung

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

Begründung

Bei *C. tarantellae* handelt es sich um ein Bakterium, das pathogen für marine und terrestrische Vertebraten ist.

Literatur

1. **Lawson PA, Rainey FA** (2016). Proposal to restrict the genus *Clostridium* Prazmowski to *Clostridium butyricum* and related species. *Int J Syst Evol Microbiol* **66**(2):1009–16.
2. **Udey LR, Young E, Sallman B** (1977). Isolation and Characterization of an Anaerobic Bacterium, *Eubacterium tarantellus* sp.nov., Associated with Striped Mullet (*Mugil cephalus*) Mortality in Biscayne Bay, Florida. *J Fish Res Board Can* **34**(3):402–9.
3. **Rho J, Park H-S, Won Y-S, Kwun H-J, Son H-Y** (2022). Fatal Systemic Infection of *Clostridium tarantellae* in a Wild Korean Raccoon Dog (*Nyctereutes procyonoides koreensis*). *J Wildl Dis* **58**(2):421–4.
4. **Cointe A, Ponfily GP de, Munier A-L, Bachir M, Benmansour H, Crémieux A-C, Forien M, Frazier A, Krief E, Cambau E, Jacquier H** (2019). Native joint septic arthritis due to *Clostridium tarantellae*. *Anaerobe* **56**:46–8.
5. **Vithitsuwannakun A, Kamolvit W, Chongtrakool P, Sukpanichnant S, Hantaweeapant C, Jinnawath A, Jitmuang A** (2026). A rare and complex case report of superimposed clostridial spondylodiscitis and epidural abscess associated with spinal lymphoma of the thoracic spine. *BMC Infect Dis*:1–31.
6. **Varalakshmi B, Shanmugapriya A, Karpagam T, Suganya V, Firdous J, Arumugam VA, Sridevi R, Abinaya M, Saradhasri V** (2022). Bacterial Fish Diseases and Treatment. In Balasubramanian B, Liu W-C, Sattanathan G (Hrsg.), *Aquaculture Science and Engineering*, S. 517–72. Springer Nature Singapore, Singapore.
7. **Bano L, Kiel M, Sales G, Doxey AC, Mansfield MJ, Wami HT, Schiavone M, Rossetto O, Pirazzini M, Dobrindt U, Montecucco C** (2020). Genome Sequence of the Fish Brain Bacterium *Clostridium tarantellae*. *Microbiol Resour Announce* **9**(16):1–3.
8. **Virulence Factor Database**. VFDB search: *Clostridium tarantellae* genome accession number GCA_009295725.1. http://www.mgc.ac.cn/VFs/search_VFs.htm. Geprüft am 15.06.2026.
9. **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.

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.