

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

Allgemeines

Bei *Eggerthella lenta* handelt es sich um ein Gram-positives, obligat anaerobes, nicht bewegliches, nicht sporulierendes, stäbchenförmiges Bakterium der Familie *Eggerthellaceae* [1, 2]. Vor der taxonomischen Reklassifizierung im Jahr 1999 wurde die Spezies der Gattung *Eubacterium* zugeordnet [2].

E. lenta wurde erstmalig in den 1930er Jahren aus humanen Stuhlproben isoliert [1]. Das Bakterium ist Teil der normalen humanen Darmflora [3]. Es liegen Berichte über Infektionen des Blutkreislaufs und der Weichteile bei abwehrgesunden und abwehrgeschwächten Patienten vor [4–9]. Die überwiegende Mehrheit der *E. lenta*-assoziierten Infektionen steht im Zusammenhang mit Störungen der intestinalen Barriere [7–9]. Alle Isolate waren empfindlich gegenüber Amoxicillin-Clavulanat, Metronidazol und Meropenem.[8].

Die Genomsequenzen einzelner Isolate liegen vor [3, 10, 11]. Die Virulenzmechanismen von *E. lenta* sind bisher nicht aufgeklärt. Ein Abgleich der Genomsequenzen mit der *Virulence Factor Database* (VFDB) zeigt, dass im Genom einzelne Virulenzfaktorgene vorliegen, darunter eines kodierend für Hämolyisin III [12]. Außerdem liegen einzelne Gene vor, die für Fitnessfaktoren und Immunmodulatoren kodieren. *E. lenta*-Zellen adhären effektiv an Zellen von Darmkrebs [3].

In den Technischen Regeln für Biologische Arbeitsstoffe 466 „Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea)“ wird *E. lenta* in die Risikogruppe 2 mit dem Zusatz ht¹ eingestuft [13].

Empfehlung

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

¹ Pathogen für Mensch und Wirbeltiere, aber i. d. R. keine Übertragung zwischen beiden Wirtsgruppen

Begründung

Bei *E. lenta* handelt es sich um einen Erreger, der beim Menschen schwere Infektionen des Blutkreislaufs und der Weichteile auslösen kann. Infektionen sind in der Regel jedoch gut behandelbar.

Literatur

1. **Moore WEC, Cato EP, Holdeman LV** (1971). *Eubacterium lentum* (Eggerth) Prevot 1938: Emendation of Description and Designation of the Neotype Strain. *Int J Syst Bacteriol* **21**(4):299–303.
2. **Kageyama A, Benno Y, Nakase T** (1999). Phylogenetic evidence for the transfer of *Eubacterium lentum* to the genus *Eggerthella* as *Eggerthella lenta* gen. nov., comb. nov. *Int J Syst Bacteriol* **49 Pt 4**:1725–32.
3. **Cho G-S, Ritzmann F, Eckstein M, Huch M, Briviba K, Behnsilian D, Neve H, Franz CMAP** (2016). Quantification of *Slackia* and *Eggerthella* spp. in Human Feces and Adhesion of Representative Strains to Caco-2 Cells. *Front Microbiol* **7**:658.
4. **Gardiner BJ, Tai AY, Kotsanas D, Francis MJ, Roberts SA, Ballard SA, Junckerstorff RK, Korman TM** (2015). Clinical and microbiological characteristics of *Eggerthella lenta* bacteremia. *J Clin Microbiol* **53**(2):626–35.
5. **Jiang S, E J, Wang D, Zou Y, Liu X, Xiao H, Wen Y, Chen Z** (2021). *Eggerthella lenta* bacteremia successfully treated with ceftizoxime: case report and review of the literature. *Eur J Med Res* **26**(1):111.
6. **Salameh A, Klotz SA, Zangeneh TT** (2012). Disseminated Infection Caused by *Eggerthella lenta* in a Previously Healthy Young Man: A Case Report. *Case Rep Infect Dis* **2012**:1–3.
7. **Ugarte-Torres A, Gillrie MR, Griener TP, Church DL** (2018). *Eggerthella lenta* Bloodstream Infections Are Associated With Increased Mortality Following Empiric Piperacillin-Tazobactam (TZP) Monotherapy: A Population-based Cohort Study. *Clin Infect Dis* **67**(2):221–8.
8. **Declerck B, van der Beken Y, Geyter D de, Piérard D, Wybo I** (2021). Antimicrobial susceptibility testing of *Eggerthella lenta* blood culture isolates at a university hospital in Belgium from 2004 to 2018. *Anaerobe* **69**:1–4.
9. **Nagaoka R, Kitagawa H, Koba Y, Tadera K, Hara T, Kashiyama S, Nomura T, Omori K, Shigemoto N, Yokozaki M, Ohge H** (2021). Clinical and microbiological characteristics of *Eggerthella lenta* bacteremia at a Japanese tertiary hospital. *J Infect Chemother* **27**(8):1261–4.
10. **Saunders E, Pukall R, Abt B, Lapidus A, Glavina Del Rio T, Copeland A, Tice H, Cheng J-F, Lucas S, Chen F, Nolan M, Bruce D, Goodwin L, Pitluck S, Ivanova N, Mavromatis K, Ovchinnikova G, Pati A, Chen A, Palaniappan K, Land M, Hauser L, Chang Y-J, Jeffries CD, Chain P, Meincke L, Sims D, Brettin T, Detter JC, Göker M, Bristow J, Eisen JA, Markowitz V, Hugenholtz P, Kyrpides NC, Klenk H-P, Han C** (2009). Complete genome sequence of *Eggerthella lenta* type strain (IPP VPI 0255). *Stand Genomic Sci* **1**(2):174–82.
11. **Buttimer C, Bottacini F, Shkoporov AN, Draper LA, Ross P, Hill C** (2022). Selective Isolation of *Eggerthella lenta* from Human Faeces and Characterisation of the Species Prophage Diversity. *Microorganisms* **10**(1):1–25.
12. **Liu B, Zheng D, Zhou S, Chen L, Yang J** (2022). VFDB 2022: a general classification scheme for bacterial virulence factors. *Nucleic Acids Res* **50**(D1):GCA_021378605.1 und GCA_000024265.1; Abgleich mit VFDB erfolgte am 20.03.2025.
13. **TRBA 466** (2015). Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen <https://www.baua.de/DE/Angebote/Regelwerk/TRBA/TRBA-466>. Besucht am 03.03.2025.