

**Empfehlung der ZKBS zur Einstufung von *Escherichia coli* Crooks  
als Spender- oder Empfängerorganismus  
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV**

### Allgemeines

*Escherichia coli* Crooks (ATCC 8739, DSM 1576, NCIB 8545, WDCM 00012) wurde in der ersten Hälfte des letzten Jahrhunderts aus dem Stuhl eines Menschen mit unbekanntem Gesundheitszustand isoliert [1; 2]. Der Stamm wurde früher fälschlicherweise als Derivat von *Escherichia coli* C bezeichnet, stellt jedoch einen eigenen Stamm dar [3].

Die Genomsequenz von *E. coli* Crooks liegt vor [GenBank:CP000946]. Eine Analyse des Genoms von *E. coli* Crooks zeigte, dass der Stamm eng mit dem Sicherheitsstamm *E. coli* K12 verwandt ist und derselben Phylogruppe A, wie die apathogenen Stämme *E. coli* K12 und B, zuzuordnen ist [3]. Vertreter dieser Phylogruppe sind häufig apathogen, während pathogene Stämme von *E. coli* meist in den Phylogruppen B2, D und E angesiedelt sind [4 - 6].

Im Genom von *E. coli* Crooks fehlen zudem Gene für einige Virulenzfaktoren wie Typ-II-, Typ-III- und Typ-VI-Sekretionssysteme oder sie liegen mutiert vor [3]. In einer weiteren Studie (unveröffentlicht, Daten liegen der ZKBS vor) wurde untersucht, ob das Genom von *E. coli* Crooks Gene beinhaltet, die homolog sind zu Virulenzfaktorgenen, die für pathogene *E. coli* typisch sind [7]. Dabei wurde festgestellt, dass das Genom von *E. coli* Crooks keine Homologe zu Genen trägt, die für einige Fimbrien (*papA*, *focG*), Siderophore (*iroN*, *fyuA*), Enzyme und Transporter zur Produktion von Colibactin, Kapselbestandteile (*kpsII*, *kpsIII*), Toxine (*hlyA*, *cnf*, *sat*, *stx*, *estA*, *elt*), Intimin (*eaeA*) oder Rezeptoren (*aerJ*, PAI III, *tir*) aus klinisch relevanten *E. coli*-Stämmen kodieren. Das Genom von *E. coli* Crooks enthält jedoch ein Gen mit Homologie zu *sfa/focC*, das für einen Bestandteil von Fimbrien kodiert.

In den vergangenen Jahrzehnten fand *E. coli* Crooks Verwendung als apathogener Referenzstamm für eine Vielzahl diagnostischer Tests, die u. a. zur Charakterisierung des Wachstums von Mikroorganismen auf bestimmten Nährmedien oder der Antibiotika-Suszeptibilität von Mikroorganismen dienen, sowie als Stamm zur industriellen Produktion von wirtschaftlich interessanten Metaboliten (beschrieben z. B. in [8 - 10]). Es sind keine Erkrankungsfälle bekannt, die mit der Verwendung von *E. coli* Crooks im Labor bzw. im Produktionsbereich in Verbindung gebracht werden.

### Empfehlung

Gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird *Escherichia coli* Crooks als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 1** zugeordnet.

### Begründung

Bei *E. coli* Crooks handelt es sich um einen Stamm, der seit Jahrzehnten sicher verwendet wird und in dessen Genom der Großteil der Gene von bekannten Virulenzfaktoren fehlt.

Das Genom enthält zwar ein Homolog zu einem Fimbriengen, dieses ist jedoch auch im Genom von probiotischen *E. coli*-Stämmen wie *E. coli* Nissle 1917 enthalten, die apathogen sind und ebenfalls der **Risikogruppe 1** zugeordnet werden. Ein pathogenes Potential aufgrund des Vorliegens allein dieses Genes ist nicht zu erwarten.

## Literatur

1. **ATCC** (2017). [https://www.lgcstandards-atcc.org/Products/Quality\\_Control\\_Strains/Water\\_Environmental/8739.aspx?geo\\_country=de#history](https://www.lgcstandards-atcc.org/Products/Quality_Control_Strains/Water_Environmental/8739.aspx?geo_country=de#history).
2. **Gunsalus IC, Hand DB** (1941). The use of bacteria in the chemical determination of total vitamin C. *J Biol Chem.* **141**:853-8.
3. **Archer CT, Kim JF, Jeong H, Park JH, Vickers CE, Lee SY, Nielsen LK** (2011). The genome sequence of *E. coli* W (ATCC 9637): comparative genome analysis and an improved genome-scale reconstruction of *E. coli*. *BMC genomics.* **12**(1):9.
4. **Oshima K, Toh H, Ogura Y, Sasamoto H, Morita H, Park SH, Ooka T, Iyoda S, Taylor TD, Hayashi T** (2008). Complete genome sequence and comparative analysis of the wild-type commensal *Escherichia coli* strain SE11 isolated from a healthy adult. *DNA Res.* **15**(6):375-86.
5. **Gordon DM, Clermont O, Tolley H, Denamur E** (2008). Assigning *Escherichia coli* strains to phylogenetic groups: multi-locus sequence typing versus the PCR triplex method. *Environment Microbiol.* **10**(10):2484-96.
6. **Dobrindt U, Agerer F, Michaelis K, Janka A, Buchrieser C, Samuelson M, Svanborg C, Gottschalk G, Karch H, Hacker J** (2003). Analysis of genome plasticity in pathogenic and commensal *Escherichia coli* isolates by use of DNA arrays. *J Bacteriol.* **185**(6):1831-40.
7. **Bauer AP, Ludwig W, Schleifer KH** (2008). A novel DNA microarray design for accurate and straightforward identification of *Escherichia coli* safety and laboratory strains. *Syst Appl Microbiol.* **31**(1):50-61.
8. **Zhang X, Jantama K, Shanmugam KT, Ingram LO** (2009). Reengineering *Escherichia coli* for succinate production in mineral salts medium. *Appl Env Microbiol.* **75**(24):7807-13.
9. **Makman RS, Sutherland EW** (1965). Adenosine 3', 5'-phosphate in *Escherichia coli*. *J Biol Chem.* **240**(3):1309-14.
10. **Jantama K, Haupt MJ, Svoronos SA, Zhang X, Moore JC, Shanmugam KT, Ingram LO** (2008). Combining metabolic engineering and metabolic evolution to develop nonrecombinant strains of *Escherichia coli* C that produce succinate and malate. *Biotechnol Bioengineer.* **99**(5):1140-53.