

Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung von
Fusobacterium naviforme* und *Fusobacterium periodonticum
als Spender- und Empfängerorganismen
gemäß § 5 Abs. 1 GenTSV

Allgemeines

Fusobacterium naviforme (früher: *Bacillus naviformes* oder *Fusobacterium nucleatum* ssp. *naviforme*) und *Fusobacterium periodonticum* sind spindelförmige, unbewegliche und nicht sporenbildende, obligat anaerobe Gram-negative Stäbchenbakterien der Familie *Fusobacteriaceae*. Fusobakterien sind Teil der gesunden mikrobiellen Flora der Mundhöhle, des Gastrointestinaltrakts und des weiblichen Genitaltrakts [1–4]. Zudem kommen sie in der Mundhöhle verschiedener Tiere vor [4].

Fusobakterien sind in seltenen Fällen als Ursache von Erkrankungen abwehrgesunder Personen, v. a. Kinder und Jugendlicher, beschrieben. *Fusobacterium nucleatum*, eines der am häufigsten vorkommenden Fusobakterien, führte z. B. zu mehreren Gehirnabszessen in einer 49-Jährigen sowie zu eitrigen Leberabszessen bei einem 21-Jährigen [5, 6]. Infektionen treten oft im Zusammenhang mit Abwehrschwäche, z. B. verursacht durch Kortikoid-Therapie oder maligne Erkrankungen, auf und können zu schweren Erkrankungen wie Septikämie, Meningitis, Cerebritis, Appendizitis und Osteomyelitis führen [3, 7]. Es wird diskutiert, dass Infektionen durch Fusobakterien in der Vergangenheit unterdiagnostiziert geblieben sein könnten, da die Identifikation über Bakterienkulturen oft unzureichend war [5, 7].

Mangels aussagekräftiger phänotypischer Tests war die Inter- und Intra-Spezies-Diversität in der Vergangenheit schwer zu erfassen [8]. Heute erfolgt eine sichere Identifizierung von Fusobakterien-Arten über molekularbiologische Nachweise und Massenspektrometrie.

Fusobakterien sind generell empfindlich gegenüber Penicillinen und Cephalosporinen. Einige Fusobakterien-Stämme besitzen β -Laktamase, daher sind Therapien mit Metronidazol oder Clindamycin empfohlen [9]. Für *F. nucleatum* sind Resistenzen gegenüber Tetrazyklin, Metronidazol und Erythromyzin beschrieben [10].

Fusobacterium naviforme kann vom Zahnfleisch gesunder Personen isoliert werden [11], es ist jedoch auch mit chronischen Zahnfleischerkrankungen bei abwehrgesunden Personen assoziiert [12]. *F. naviforme* ist mit *F. nucleatum* eng verwandt, so dass mikrobiologische und molekulargenetische Methoden die beiden Spezies nur schwer unterscheiden können. In klinischen Fallberichten wird daher häufig von einer Infektion mit dem Komplex *Fusobacterium nucleatum/naviforme* berichtet [13]. Von *F. naviforme* vorliegende Sequenzdaten enthalten

oftmals Kontaminationen, so dass keine Analyse der Virulenzfaktoren mithilfe der *Virulence Factor Database* möglich ist [14].

F. nucleatum/naviforme wurde als Ursache eines eiterbildenden Leberabszesses bei einem 43-jährigen abwehrgesunden Patienten beschrieben, wobei keine weiteren mikrobiellen Krankheitserreger nachgewiesen wurden [13]. In einer retrospektiven Untersuchung der 16S ribosomalen RNA in klinischen Proben von 124 pädiatrischen Patienten wurde *F. nucleatum/naviforme* in zwei Proben (Synovialflüssigkeit und Zerebrospinalflüssigkeit) identifiziert. Angaben zur Art der Erkrankung oder dem Immunstatus der betroffenen Kinder fehlen jedoch [15]. Zudem wird in einem systematischen Review von fusobakteriellen Knochen- und Gelenkinfektionen bei Kindern eine Infektion von *F. nucleatum* und *F. naviforme* bei einem 10-jährigen Kind genannt [16]. Bei einer abwehrgeschwächten 77-jährigen Frau wurde *F. naviforme* als persistierendes Bakterium in einem Ileumdivertikel als Ursache für Fieber, Anorexie sowie Abszesse in Leber und Ileum identifiziert [17].

In der TRBA 466 „Einstufung von Prokaryonten“ wird *Fusobacterium naviforme* der Risikogruppe 2 mit dem Zusatz „ht“¹ zugeordnet [18].

Fusobacterium periodonticum wurde erstmals 1983 aus dem entzündeten Gewebe des Zahnhalteapparats eines Diabetes mellitus-Patienten isoliert [19]. Es ist Teil der natürlichen Mundhöhlenflora [20, 21], zudem wurde es im Magen-Darm-Trakt nachgewiesen [22]. Dabei gibt es Hinweise darauf, dass *F. periodonticum* eher mit der Mundhöhlenflora gesunder Menschen assoziiert ist und seltener bei Karies- oder Parodontitis-erkrankten Menschen vorkommt [20, 21, 23].

F. periodonticum wurde als Teil der Mikrobiota von Abszessen um die Zahnwurzelspitze herum (periapikale Abszesse) [24, 25] und Entzündungen des Zahnhalteapparates [26] von abwehrgesunden Erwachsenen nachgewiesen. So wurde in drei Eiter-Aspiraten periradikulärer bakterieller Abszesse *F. periodonticum* gemeinsam mit bis zu 32 weiteren Bakterienarten identifiziert [24]. Bei einer Untersuchung der bakteriellen Besiedlung von Zahnfleischentzündungen bei abwehrgesunden Menschen wurden *F. nucleatum/F. periodonticum* im Komplex identifiziert, da eine eindeutige Speziesidentifikation nicht möglich war [27]. Es ist zudem ein Fall einer Tränenkanalentzündung bei einer 49-Jährigen [28] sowie ein Fall einer Osteomyelitis bei einem 81-jährigen Mann mit Karies und wiederkehrender Parodontitis [29] mit jeweils nicht weiter beschriebenen Immunstatus, hervorgerufen durch *F. periodonticum*, bekannt.

Sequenzdaten vom Gesamtgenom von *F. periodonticum* liegen vor [30]. *F. periodonticum* kodiert wie auch andere orale Fusobakterien für das *Fusobacterium adhesin A*, welches eine wichtige Funktion bei der Kolonisierung der Mundschleimhaut hat [31]. Es liegen keine bekannten Gene für Virulenzfaktoren im Genom vor, die zu einer Pathogenität für Menschen und Wirbeltiere beitragen [32].

In der TRBA 466 „Einstufung von Prokaryonten“ wird *Fusobacterium periodonticum* der Risikogruppe 2 zugeordnet [18].

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

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien in Anlage 1 GenTSV werden *Fusobacterium naviforme* und *Fusobacterium periodonticum* als Spender- und Empfängerorganismen für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 2** zugeordnet.

Begründung

F. naviforme und *F. periodonticum* besiedeln natürlicherweise Schleimhäute des Menschen. Sie sind fakultativ pathogene Erreger, die sehr selten auch bei abwehrgesunden Menschen zu Erkrankungen wie z. B. Leberabszesse führen können. Dabei können die Infektionen nur schwer von Infektionen der Spezies *F. nucleatum*, die durch die ZKBS in die **Risikogruppe 2** eingestuft ist, unterschieden werden.

Literatur

1. **Bennett KW, Eley A** (1993). Fusobacteria: new taxonomy and related diseases. *J Med Microbiol* **39**(4):246–54.
2. **Jungano M** (1909). Sur la flore anaérobie du rat. *CR Soc. Biol.(Paris)*
3. **Rathore MH, Barton LL, Dunkle LM** (1990). The spectrum of fusobacterial infections in children. *Pediatr Infect Dis J* **9**(7):505–8.
4. **Spaulding EH, Rettger LF** (1937). The *Fusobacterium* Genus: I. Biochemical and Serological Classification. *J Bacteriol* **34**(5):535–48.
5. **Kenig A, Kessler A, Alaa S, Hazu W, Michael-Gaygo A, Amit S, Orenbuch-Harroch E** (2020). An immunocompetent patient with culture-negative multiple brain abscesses caused by *Fusobacterium nucleatum*. *Anaerobe* **65**:102261.
6. **Ahmed Z, Bansal SK, Dhillon S** (2015). Pyogenic liver abscess caused by *Fusobacterium* in a 21-year-old immunocompetent male. *World J Gastroenterol* **21**(12):3731–5.
7. **Bailhache M, Mariani-Kurkdjian P, Lehours P, Sarlangue J, Pillet P, Bingen E, Faye A** (2013). *Fusobacterium* invasive infections in children: a retrospective study in two French tertiary care centres. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* **32**(8):1041–7.
8. **Gharbia SE, Shah HN** (1991). Biochemical properties of *Fusobacterium naviforme* and phenotypically similar isolates. *Lett Appl Microbiol* **12**(5):177–9.
9. **Arane K, Goldman RD** (2016). *Fusobacterium* infections in children. *Can Fam Physician* **62**(10):813–4.
10. **Ardila CM, Vivares-Builes AM** (2022). Antibiotic Resistance in Patients with Peri-Implantitis: A Systematic Scoping Review. *Int J Environ Res Public Health* **19**(23).
11. **Brazier JS, Citron DM, Goldstein EJ** (1991). A selective medium for *Fusobacterium* spp. *J Appl Bacteriol* **71**(4):343–6.
12. **Bao K, Li X, Poveda L, Qi W, Selevsek N, Gumus P, Emingil G, Grossmann J, Diaz PI, Hajishengallis G, Bostanci N, Belibasakis GN** (2020). Proteome and Microbiome Mapping of Human Gingival Tissue in Health and Disease. *Front Cell Infect Microbiol* **10**:588155.
13. **Rifaat M, Depmeier C, Jeger V, Schneemann M, Anagnostopoulos A** (2018). CME: *Fusobacterium nucleatum/naviforme* – eine seltene, aber nicht zu unterschätzende Ursache für pyogene Leberabszesse. *Praxis (Bern 1994)* **107**(19):1007–12.
14. **Nucleotide [Internet]. Bethesda (MD): National Library of Medicine (US), National Center for Biotechnology Information, 1988. *Fusarium naviforme* Genome.** <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/genome/?taxon=77917>. Geprüft am 16.06.2026.

15. **Li G, Reis CA, Kruc RM, Zhang Z, Streck NT, Ristagno EH, Mandrekar J, Wolf MJ, Gaensbauer JT, Patel R** (2025). 16S Ribosomal RNA Gene PCR and Sequencing for Pediatric Infection Diagnosis, United States, 2020-2023. *Emerg Infect Dis* **31**(13):129–36.
16. **Delbrück H, Schröder S, Stapper T, Schacht S, Pappa A, Hildebrand F, Hertwig MK** (2025). Fusobacterium Species in Osteoarticular Infections in Childhood-A Systematic Review with Data Synthesis and a Case Series in the Acetabular and Hip Joint Regions. *Infect Dis Rep* **17**(2).
17. **Mitsusada K, Hamano T, Kobayashi Y** (2025). *Fusobacterium naviforme* Liver Abscess Secondary to a Non-Meckelian Ileal Diverticulum Successfully Treated by Laparoscopic Resection After Failed Conservative Therapy. *Cureus* **17**(9):e91772.
18. **TRBA** (2023). TRBA 466 Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen. <https://www.baua.de/DE/Angebote/Regelwerk/TRBA/TRBA-466.html>. Geprüft am 26.05.2026.
19. **Slots J, Potts TV, Mashimo PA** (1983). *Fusobacterium periodonticum*, a new species from the human oral cavity. *J Dent Res* **62**(9):960–3.
20. **Jiang S, Gao X, Jin L, Lo ECM** (2016). Salivary Microbiome Diversity in Caries-Free and Caries-Affected Children. *Int J Mol Sci* **17**(12).
21. **Zhang D, Takeshita T, Furuta M, Kageyama S, Asakawa M, Nambu K, Yamashita Y** (2021). Tongue Microbiota Composition and Dental Caries Experience in Primary School Children. *mSphere* **6**(2).
22. **Strauss J, White A, Ambrose C, McDonald J, Allen-Vercos E** (2008). Phenotypic and genotypic analyses of clinical *Fusobacterium nucleatum* and *Fusobacterium periodonticum* isolates from the human gut. *Anaerobe* **14**(6):301–9.
23. **Martínez-Hernández M, Olivares-Navarrete R, Almaguer-Flores A** (2016). Influence of the Periodontal Status on the Initial-Biofilm Formation on Titanium Surfaces. *Clin Implant Dent Relat Res* **18**(1):174–81.
24. **Siqueira JF, Rôças IN, Souto R, Uzeda M, Colombo AP** (2001). Microbiological evaluation of acute periradicular abscesses by DNA-DNA hybridization. *Oral Surg Oral Med Oral Pathol Oral Radiol Endod* **92**(4):451–7.
25. **Triches TC, Figueiredo LC de, Feres M, Freitas SFT de, Zimmermann GS, Cordeiro MMR** (2014). Microbial profile of root canals of primary teeth with pulp necrosis and periradicular lesion. *J Dent Child (Chic)* **81**(1):14–9.
26. **Heller D, Silva-Boghossian CM, do Souto RM, Colombo APV** (2012). Subgingival microbial profiles of generalized aggressive and chronic periodontal diseases. *Arch Oral Biol* **57**(7):973–80.
27. **Gmür R, Wyss C, Xue Y, Thurnheer T, Guggenheim B** (2004). Gingival crevice microbiota from Chinese patients with gingivitis or necrotizing ulcerative gingivitis. *Eur J Oral Sci* **112**(1):33–41.
28. **Pahwa I, Ananth Shenoy P, Kuzhupilly NIR, Vishwanath S** (2025). Lacrimal canaliculitis caused by *Fusobacterium periodonticum*: A rare clinical encounter. *Indian J Med Microbiol* **58**:101003.
29. **Li W-H, Yu Y-C, Lee W-S** (2021). Vertebral osteomyelitis caused by *Fusobacterium periodonticum* *J Infect* **82**(3):e42-e44.
30. **Connolly JP, Kelly L** (2025). The physical biogeography of *Fusobacterium nucleatum* in health and disease. *mBio* **16**(4):e0298924.
31. **Han YW, Ikegami A, Rajanna C, Kawsar HI, Zhou Y, Li M, Sojar HT, Genco RJ, Kuramitsu HK, Deng CX** (2005). Identification and characterization of a novel adhesin unique to oral fusobacteria. *J Bacteriol* **187**(15):5330–40.
32. **Virulence Factor Database** (2026). VFDB search: *Ruminiclostridium cellulolyticum* genome accession number GCA_000022065.1. http://www.mgc.ac.cn/VFs/search_VFs.htm. Geprüft am 29.05.2026.