

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

Allgemeines

Hafnia alvei ist ein Gram-negatives, fakultativ anaerobes, nicht sporenbildendes, bewegliches stäbchenförmiges Gammaproteobakterium aus der Familie *Hafniaceae* [1–3]. Die Spezies wurde 1954 im Rahmen einer taxonomischen Neubewertung von Isolaten aus der Familie *Enterobacteriaceae* etabliert [2]. Das Bakterium kommt in Abwässern, Böden, Gewässern sowie in der Darmflora nahezu aller Wirbeltiere vor [1, 3, 4]. Das Temperaturoptimum für das Wachstum von *H. alvei* liegt zwischen 30 und 37 °C [1].

In der Humanmedizin wurde *H. alvei* vereinzelt bei abwehrgesunden Patienten als Erreger von Durchfall sowie Entzündungen der Lunge, Harnwege, Gallenblase und Wunden beschrieben [5–8]. Bei abwehrgeschwächten Patienten wird *H. alvei* häufig als Erreger von Abszessen, Blutstrominfektionen und Entzündungen des Auges, des Bauchfells, des Darms, der Harnwege sowie der Lunge beschrieben [1, 9, 10]. Infektionen sind durch die Gabe von Cephalosporinen der ersten Generation, Ciprofloxacin oder Piperacillin/Tazobactam behandelbar.

H. alvei ist in der Veterinärmedizin als Krankheitserreger bei Hühnern und Fischen beschrieben. Bei Legehennen und Masthühnern führt die Infektion mit dem Bakterium zu Appetitlosigkeit, einer reduzierten Legeleistung, Leberschäden, Opisthotonus und erhöhter Mortalität im Bestand [11, 12]. Bei Forellen aus Wildfängen und Aquakulturen gingen *H. alvei*-Infektionen mit aufgeblähtem Bauch, atypischem Schwimmverhalten und Sepsis mit hoher Letalität einher [13–15].

Die Genomsequenz mehrerer Stämme liegt vor [16, 17]. Neben einzelnen Genen, die für Hämolysine und Adhäsine wie den Pap-Pilus kodieren, sind im Genom vieler Stämme Typ-I-, -IV - und -VI-Sekretionssysteme und ihre Effektoren kodiert [16, 18]. Bei einigen Stämmen wurde außerdem die Expression von Verotoxinen beschrieben [4].

In der TRBA 466 „Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen“ wird *H. alvei* der Risikogruppe 2 mit den Zusätzen „TA“¹ und „ht“² zugeordnet [19].

¹ TA: „Arten, von denen Stämme bekannt sind, die langjährig sicher in der technischen Anwendung gehandhabt wurden. Diese bewährten Stämme können daher nach den Einstufungskriterien in die Risikogruppe 1 fallen. Die Kennzeichnung mit „TA“ erhebt allerdings keinen Anspruch auf Vollständigkeit. In Spezies ohne diese Kennzeichnung können deshalb ggf. auch Stämme mit dem Merkmal „TA“ vorkommen.“

Empfehlung

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

Begründung

Bei *H. alvei* handelt es sich um einen weltweit verbreiteten Erreger von Infektionen bei abwehrgesunden Menschen, der zudem terrestrische und marine Vertebraten infiziert. Infektionen sind in der Regel gut behandelbar.

Literatur

1. **Padilla D, Acosta F, Ramos-Vivas J, Grasso V, Bravo J, El Aamri F, Real F** (2015). The pathogen *Hafnia alvei* in veterinary medicine: a review. *J Appl Anim Res* **43**(2):231–5.
2. **Møller V** (1954). Distribution of amino acid decarboxylases in *Enterobacteriaceae*. *Acta Pathol Microbiol Scand* **35**(3):259–77.
3. **Sakazaki R** (2015). *Hafnia*. In Trujillo ME, Dedysh S, DeVos P, Hedlund B, Kämpfer P, Rainey FA, Whitman WB (Hrsg.), *Bergey's Manual of Systematics of Archaea and Bacteria*, S. 1–8. Wiley, Hoboken, New Jersey.
4. **Ramos-Vivas J, Tapia O, Elempuru-Zabaleta M, Pifarre KT, Armas Diaz Y, Battino M, Giampieri F** (2022). The Molecular Weaponry Produced by the Bacterium *Hafnia alvei* in Foods. *Molecules* **27**(17):1–14.
5. **Albert MJ, Alam K, Islam M, Montanaro J, Rahaman AS, Haider K, Hossain MA, Kibriya AK, Tzipori S** (1991). *Hafnia alvei*, a probable cause of diarrhea in humans. *Infect Immun* **59**(4):1507–13.
6. **Ramos A, Dámaso D** (2000). Extraintestinal infection due to *Hafnia alvei*. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* **19**(9):708–10.
7. **Severiche-Bueno DF, Vargas-Cuervo MT, Medina-Lee L, Oliver-Hernandez G, Buitrago-Toro K, Insignares DA, Conde-Camacho R** (2021). *Hafnia alvei* pneumonia: from bees to human beings. *Germs* **11**(2):306–9.
8. **Litrenta J, Oetgen M** (2017). *Hafnia alvei*: A new pathogen in open fractures. *Trauma Case Rep* **8**:41–5.
9. **Günthard H, Pennekamp A** (1996). Clinical significance of extraintestinal *Hafnia alvei* isolates from 61 patients and review of the literature. *Clin Infect Dis* **22**(6):1040–5.
10. **Wang H, Li H, Wang H, Zhang J** (2026). *Hafnia alvei* infection complicated by chorioamnionitis and septicemia: a case report and review of literature. *Front Med (Lausanne)* **13**:1–8.
11. **Real F, Fernandez A, Acosta F, Acosta B, Castro P, Deniz S, Oros J** (1997). Septicemia Associated with *Hafnia alvei* in Laying Hens. *Avian Dis* **41**(3):741.
12. **Casagrande Proietti P, Passamonti F, Pia Franciosini M, Asdrubali G** (2004). *Hafnia alvei* infection in pullets in Italy. *Avian Pathol* **33**(2):200–4.
13. **Gelev I, Gelev E, Steigerwalt AG, Carter GP, Brenner DJ** (1990). Identification of the bacterium associated with haemorrhagic septicaemia in rainbow trout as *Hafnia alvei*. *Res Microbiol* **141**(5):573–6.
14. **Rodríguez LA, Gallardo CS, Acosta F, Nieto TP, Acosta B, Real F** (1998). *Hafnia alvei* as an opportunistic pathogen causing mortality in brown trout, *Salmo trutta* L. *J Fish Dis* **21**(5):365–70.
15. **Acosta F, Real F, Caballero MJ, Sieiro C, Fernández A, Rodríguez LA** (2002). Evaluation of Immunohistochemical and Microbiological Methods for the Diagnosis of Brown Trout Infected with *Hafnia alvei*. *J Aquat Anim Health* **14**(1):77–83.

² ht: „Pathogen für Menschen und Wirbeltiere, aber i.d.R. keine Übertragung zwischen beiden Wirtsgruppen.“

16. **Yin Z, Yuan C, Du Y, Yang P, Qian C, Wei Y, Zhang S, Di Huang, Liu B** (2019). Comparative genomic analysis of the *Hafnia* genus reveals an explicit evolutionary relationship between the *species alvei* and *paralvei* and provides insights into pathogenicity. *BMC Genomics* **20**(1):1–16.
17. **Song HS, Kim JY, Kim YB, Jeong MS, Kang J, Rhee J-K, Kwon J, Kim JS, Choi J-S, Choi H-J, Nam Y-D, Roh SW** (2017). Complete genome sequence of a commensal bacterium, *Hafnia alvei* CBA7124, isolated from human feces. *Gut Pathog* **9**:41–6.
18. **Virulence Factor Database**. VFDB search: *Hafnia alvei* genome accession number GCA_011617105.1, GCA_034424155.1 und GCA_964063325.1. http://www.mgc.ac.cn/VFs/search_VFs.htm. Geprüft am 24.08.2026.
19. **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 09.07.2026.