



Empfehlung der ZKBS zur Risikobewertung von *Herpetosiphon aurantiacus* als Spender- oder Empfängerorganismus gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV

Allgemeines

Das Bakterium *Herpetosiphon aurantiacus* wurde ursprünglich aus Biofilmen um Frischwasser-algen der Gattung *Chara* aus dem *Birch Lake* (USA) isoliert. Die Isolierung weiterer Stämme der Spezies aus verschiedenen anderen Habitaten wie Kuhdung, heißen Quellen, Boden oder Küstengewässern lässt jedoch auf eine ubiquitäre Verbreitung schließen [1; 2]. Alle Isolate zeigen eine strikt aerobe, chemoorganotrophe Lebensweise mit einem Temperaturoptimum um ca. 30 °C. Der für das Wachstum optimale pH-Wert liegt zwischen 7 und 7,5, wobei auch Werte zwischen 8 - 9 toleriert werden. Morphologisch zeichnet sich *H. aurantiacus* durch die Ausbildung von teilweise mehr als 500 µm langen unverzweigten Filamenten aus, die sich auf glatten Oberflächen gleitend fortbewegen können. In den Filamenten befinden sich einzelne Bakterienzellen, die nicht-begeißelt, zylinderförmig und orangepigmentiert sind [2]. Es handelt sich um Gram-negative Bakterien, in deren Peptidoglykan-Schicht jedoch untypischerweise L-Ornithin anstelle von Diaminopimelinsäure eingelagert ist. Somit wird keine Lipopolysaccharidschicht ausgebildet [3]. 16S rRNA-basierte phylogenetische Untersuchungen zeigen eine enge Nähe zu den Vertretern der Ordnung *Chloroflexales*, den grünen Nicht-Schwefelbakterien [4]. Zudem ist das Genom von *H. aurantiacus* vollständig sequenziert und annotiert [5]. Es besteht aus einem zirkulären, 6,3 Mbp großen Chromosom sowie aus zwei weiteren zirkulären Plasmiden. Hinweise auf Virulenzfaktoren, die auf eine Pathogenität für Mensch, Tier oder Pflanze hindeuten, lassen sich daraus nicht ableiten. So sind beispielsweise keine Gene, die für Adhäsions- oder Invasionsstrukturen kodieren, identifiziert worden. Auffällig ist die Anhäufung von Genen und Gen-*clustern*, die die Synthese von Sekundärmetaboliten ermöglichen. Unter anderem nutzt *H. aurantiacus* hydrolytische Enzyme, die mithilfe bestimmter Transportsysteme sekretiert werden, um sich gegen konkurrierende Bakterien durchzusetzen bzw. sich von ihnen zu ernähren [6; 7].

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird *Herpetosiphon aurantiacus* als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 1** zugeordnet.

Begründung

H. aurantiacus ist ein ubiquitär verbreitetes Bakterium. Hinsichtlich taxonomischer Verwandtschaft, Herkunft, Wachstumsbedingungen und Nährstoffansprüchen ist es soweit charakterisiert, dass eine Pathogenität für Mensch, Tier und Pflanze nicht zu erwarten ist.

Literatur

1. **Holt JG, Lewin RA** (1968). *Herpetosiphon aurantiacus* gen. et sp. n., a new filamentous gliding organism. *J Bacteriol* **95**(6):2407.
2. **Lee N, Reichenbach H** (2006). The Genus *Herpetosiphon*, p. 854-877. In: The Prokaryotes. Springer.
3. **Jürgen UJ, Meißner JD, Reichenbach H, Weckesser J** (1989). L-ornithine containing peptidoglycan-polysaccharide complex from the cell wall of the gliding bacterium *Herpetosiphon aurantiacus*. *FEMS Microbiol Lett* **60**:247-50.
4. **Gupta RS, Chander P, George S** (2013). Phylogenetic framework and molecular signatures for the class *Chloroflexi* and its different clades; proposal for division of the class *Chloroflexi* class. nov. into the suborder *Chloroflexineae* subord. nov., consisting of the emended family *Oscillochloridaceae* and the family *Chloroflexaceae* fam. nov., and the suborder *Roseiflexineae* subord. nov., containing the family *Roseiflexaceae* fam. nov. *Antonie van Leeuwenhoek*. **103**(1):99-119.
5. **Kiss H, Nett M, Domin N, Martin K, Maresca JA, Copeland A, Lapidus A, Lucas S, Berry KW, Del Rio TG** (2011). Complete genome sequence of the filamentous gliding predatory bacterium *Herpetosiphon aurantiacus* type strain (114-95T). *Stand Genomic Sci* **5**(3):356.
6. **Quinn GR, Skerman VBD** (1980). *Herpetosiphon*—Nature's scavenger? *Curr Microbiol* **4**(1):57-62.
7. **Jurkevitch E** (2007). Predatory behaviors in bacteria-diversity and transitions. *Microbe* **2**(2):67.