

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

Allgemeines

Marinobacter adhaerens ist ein Gram-negatives, bewegliches, nicht sporenbildendes Gamma-proteobakterium aus der Familie der *Alteromonadaceae* [1]. Die Spezies wurde erstmalig aus dem Oberflächenwasser des deutschen Wattenmeers isoliert [2] und kommt weltweit in den Oberflächenschichten von Meeren vor [1]. Das Bakterium wächst bei 4 bis 45 °C (Optimum zwischen 34 und 38 °C), bei pH-Werten zwischen 5,5 und 10,0 (Optimum zwischen 7,0 und 8,5) und bei NaCl-Konzentrationen zwischen 0,5 und 20 % (w/v) (Optimum zwischen 2 und 6 % (w/v)) [1].

M. adhaerens lebt in saprophytischer Beziehung zu Kieselalgen. Das Bakterium ist positiv chemotaktisch zu Kieselalgen und bindet an deren Oberfläche [3]. Wenn *M. adhaerens* an photosynthetisch aktive Kieselalgen bindet, werden transparente Exopolymerpartikel gebildet, woraufhin Kieselalgen und Bakterien aggregieren [4]. Nach Erreichen einer ausreichenden Größe sedimentieren diese Aggregate, was zum Absterben der Kieselalgen aufgrund des herrschenden Lichtmangels in tieferen Meeresschichten führt.

Die Genomsequenzen verschiedener Isolate liegen vor [5, 6]. Es liegen einzelne Virulenzfaktorgene im Genom des Bakteriums vor, darunter Adhäsine wie ein Typ-4-Pilus [7]. Trotz dem Vorliegen dieser Faktoren liegt für das Bakterium keine Beschreibung als Krankheitserreger vor.

M. adhaerens wird in der TRBA 466 „Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea)“ der Risikogruppe 1 zugeordnet [8].

Empfehlung

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

Begründung

M. adhaerens ist ein weltweit verbreitetes ökologisch relevantes marines Bakterium, welches eine zentrale Rolle im biogeochemischen Kreislauf des Phytoplanktons spielt. Das Bakterium ist nicht pathogen für den Menschen, Tiere und Pflanzen.

Literatur

1. **Kaepfel EC, Gärdes A, Seebah S, Grossart H-P, Ullrich MS** (2012). *Marinobacter adhaerens* sp. nov., isolated from marine aggregates formed with the diatom *Thalassiosira weissflogii*. *Int J Syst Evol Microbiol* **62**(Pt 1):124–8.
2. **Grossart H-P, Schlingloff A, Bernhard M, Simon M, Brinkhoff T** (2004). Antagonistic activity of bacteria isolated from organic aggregates of the German Wadden Sea. *FEMS Microbiol Ecol* **47**(3):387–96.
3. **Sonnenschein EC, Syit DA, Grossart H-P, Ullrich MS** (2012). Chemotaxis of *Marinobacter adhaerens* and its impact on attachment to the diatom *Thalassiosira weissflogii*. *Appl Environ Microbiol* **78**(19):6900–7.
4. **Gärdes A, Iversen MH, Grossart H-P, Passow U, Ullrich MS** (2011). Diatom-associated bacteria are required for aggregation of *Thalassiosira weissflogii*. *ISME J* **5**(3):436–45.
5. **Gärdes A, Kaepfel E, Shehzad A, Seebah S, Teeling H, Yarza P, Glöckner FO, Grossart H-P, Ullrich MS** (2010). Complete genome sequence of *Marinobacter adhaerens* type strain (HP15), a diatom-interacting marine microorganism. *Stand Genomic Sci* **3**(2):97–107.
6. **Chin GJWL, Jani J, Law SV, Rodrigues KF** (2023). Whole genome sequence data of a marine bacterium, *Marinobacter adhaerens* PBVC038, associated with toxic harmful algal bloom. *Data Brief* **46**:1–8.
7. **Virulence Factor Database** (2025). VFDB search: *Marinobacter adhaerens* genome accession number GCA_042140225.1 , GCA_017795165.1 und GCA_018972165.1. http://www.mgc.ac.cn/VFs/search_VFs.htm. Geprüft am 09.12.2025.
8. **TRBA** (2023). TRBA 466 Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen. <https://www.baua.de/DE/Angebote/Regelwerk/TRBA/TRBA-466>. Geprüft am 06.10.2025.