

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

Allgemeines

Micavibrio aeruginosavorus ist ein Gram-negatives, stäbchenförmiges, begeißeltes α -Proteobakterium, welches aus Abwasser und Boden in Russland und Israel isoliert wurde [1, 2]. Das Genom von *M. aeruginosavorus* ARL-13 ist vollständig sequenziert, ihm fehlen die Synthesewege für sieben Aminosäuren [3].

M. aeruginosavorus ARL-13 kann sich bei 25 – 37 °C an andere Gram-negative Bakterien anheften. Diese Fähigkeit nimmt unter Sauerstoff-limitierten Bedingungen ab. Es bindet extern an seinen bakteriellen Wirt und bildet durch Abgabe von alpha-Hämolysin eine Pore, um Substrate aus diesem aufzunehmen. Durch die Lyse wird das befallene Bakterium abgetötet. Die größte Schadwirkung ist bei Vertretern der Gattung *Burkholderia*, *Escherichia*, *Klebsiella*, *Pseudomonas* und *Shigella* und eine geringere Schadwirkung bei *Acinetobacter*, *Enterobacter*, *Proteus* und *Yersinia* beobachtet worden. Die Lebensfähigkeit von Vertretern der Gattung *Bordetella*, *Citrobacter*, *Enterococcus*, *Erwinia*, *Morganella*, *Mycobacterium*, *Serratia*, *Stenotrophomonas* und *Vibrio* blieb unverändert [4].

Über das Gefährdungspotential von *M. aeruginosavorus* ist bisher sehr wenig bekannt. Jedoch zeigten C57BL/6-Mäuse nach einer intranasalen Verabreichung von *M. aeruginosavorus* ARL-13 in einer Dosis von 5×10^8 bzw. 1×10^{11} *plaque-forming units* keine Auffälligkeiten gegenüber der Kontrollgruppe, der nur Phosphat-gepufferte Salzlösung verabreicht worden war [5].

Empfehlung

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

Begründung

Es gibt keine Hinweise darauf, dass *M. aeruginosavorus* für den Menschen, Tiere oder Pflanzen pathogen ist.

Literatur

1. **Lambina, V. A. et al.** (1983). New species of exoparasitic bacteria of the genus *Micavibrio* infecting gram-positive bacteria. *Mikrobiologija* **52**(5):777-780.
2. **Davidov, Y. et al.** (2006). A new α -proteobacterial clade of *Bdellovibrio*-like predators: implications for the mitochondrial endosymbiotic theory. *Environ Microbiol* **8**(12):2179-2188.
3. **Wang, Z. et al.** (2011). Genomic insights into an obligate epibiotic bacterial predator: *Micavibrio aeruginosavorus* ARL-13. *BMC Genomics* **12**:453.
4. **Dashiff, A. et al.** (2010). Predation of human pathogens by the predatory bacteria *Micavibrio aeruginosavorus* and *Bdellovibrio bacteriovorus*. *J Appl Microbiol* **110**:431-444.
5. **Shatzkes, K. et al.** (2015). Examining the safety of respiratory and intravenous inoculation of *Bdellovibrio bacteriovorus* and *Micavibrio aeruginosavorus* in a mouse model. *Sci Rep* **5**:12899.