

## Empfehlung der ZKBS zur Risikobewertung von *Shimwellia blattae* als Spender- oder Empfängerorganismus gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV

### Allgemeines

Dieser Vertreter der Familie der *Enterobacteriaceae* wurde 1972 aus dem hinteren Darmabschnitt der Küchenschabe *Blatta orientalis* isoliert [1]. Es handelt sich um Gram-negative, fakultativ anaerobe, unbewegliche Stäbchen, die ursprünglich als *Escherichia blattae* bezeichnet wurden. Phylogenetische Untersuchungen anhand von 16S rRNA-Sequenzdaten resultierten jedoch in der Beschreibung der Gattung *Shimwellia*, innerhalb derer *E. blattae* im Jahr 2010 als *Shimwellia blattae* bezeichnet und klassifiziert worden ist [2].

Biochemisch zeichnet sich das mesophile Bakterium durch die Fähigkeit aus, Vitamin B<sub>12</sub> zu synthetisieren, welches als kobalthaltiges Koenzym unter anderem für den Aminosäurestoffwechsel bedeutend ist [3]. Durch die Analyse der Genomsequenz konnte gezeigt werden, dass die Gene des zugehörigen *cob*-Operons durch horizontalen Gentransfer in das Bakterienchromosom gelangt sind [4]. Dieses ist mit 4,1 Mbp im Vergleich zu anderen Enterobakterien relativ klein. Es liegen keine Plasmide in den Bakterien vor. Pathogenitätsmechanismen sind nicht beschrieben. Es gibt keine Hinweise auf eine Pathogenität für Mensch und Tier.

### Empfehlung

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

### Begründung

*S. blattae* ist ein gut charakterisierter Vertreter der Familie der *Enterobacteriaceae*. Es gibt keine Hinweise auf eine Pathogenität für Mensch und Tier.

## Literatur

1. **Burgess NRH, McDermott SN, and Whiting J** (1973). Aerobic bacteria occurring in the hind-gut of the cockroach, *Blatta orientalis*. *J Hyg.* **71**:1-7.
2. **Priest FG, and Barker M** (2010). Gram-negative bacteria associated with brewery yeasts: reclassification of *Obesumbacterium proteus* biogroup 2 as *Shimwellia pseudoproteus* gen. nov., sp. nov., and transfer of *Escherichia blattae* to *Shimwellia blattae* comb. nov.. *Int J Syst Evol Microbiol* **60**:828-833.
3. **Andres S, Wiezer A, Bendfeldt H, Waschkowitz T, Toeche-Mittler C, and Daniel R** (2004). Insights into the genome of the enteric bacterium *Escherichia blattae*: Cobalamin B<sub>12</sub> biosynthesis, B<sub>12</sub>-dependent reactions, and inactivation of the gene region encoding B<sub>12</sub>-dependent glycerol dehydratase by a new Mu-like Prophage. *J Mol Microbiol Biotechnol* **8**:150-168.
4. **Brzuszkiewicz E, Waschkowitz T, Wiezer A, and Daniel R** (2012). Complete genome sequence of the B<sub>12</sub>-producing *Shimwellia blattae* strain DSM 4481, isolated from a cockroach. *J Bacteriol* **194**(16):4436.