

**Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung von *Staphylococcus sciuri*  
(Synonym *Mammaliicoccus sciuri*) und  
*Staphylococcus lentus* (Synonym *Mammaliicoccus lentus*)  
als Spender- und Empfängerorganismus  
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV**

**Allgemeines**

*Staphylococcus sciuri* und *Staphylococcus lentus* sind nicht-bewegliche, nicht-sporenbildende Gram-positive, Koagulase-negative Bakterien aus der Familie *Staphylococcaceae*. Phylogenetische Analysen der Familie *Staphylococcaceae* resultierten im Jahr 2020 in einem Vorschlag zur Reklassifizierung der Spezies *Staphylococcus sciuri*, *Staphylococcus fleurettii*, *Staphylococcus lentus*, *Staphylococcus stepanovicii* und *Staphylococcus vitulinus* in die neue Gattung *Mammaliicoccus* gen. nov., mit *Mammaliicoccus sciuri* (*Mammaliicoccus sciuri* comb. nov.) als Typusart [1].

*Staphylococcus sciuri* (Synonym *Mammaliicoccus sciuri*) Isolate aus Proben von der Haut von Menschen und Tieren sowie außerhalb eines Wirtsorganismus aus Strand-Sand und von Marschgras, wurden erstmals 1976 beschrieben. Die Isolate wurden den *S. sciuri* Subspezies *sciuri* und *lentus* zugeordnet [2]. 1983 erhielt *S. sciuri ssp. lentus* den Grad einer eigenen Spezies [3, 4], während 1999 zwei weitere Subspezies von *S. sciuri* (*S. sciuri ssp. carnaticus* und *rodentium*) beschrieben wurden [5]. Die Genomsequenz einzelner Isolate liegt vor [6, 7]. *S. sciuri* Bakterien haben einen Durchmesser von 0,7 bis 1,2 µm. Das Wachstum erfolgt aerob und fakultativ anaerob [2] bei einem Temperaturoptimum von 20 bis 37 °C [8].

*S. sciuri* wurde als Kommensale zahlreicher Tierarten, u. a. von Hunden [9], Marmosetten [10], Vögeln [11–13] und Spinnen [14], Kühen [15] und im Menschen nachgewiesen, ist aber auch als opportunistischer Krankheitserreger beschrieben. Das Bakterium befindet sich in der Mikroflora der Haut und des Nasopharynx [16]. Eine Infektion ist im Stör assoziiert mit krankhaften Organveränderungen [17], in der Maus mit chronischer Dermatitis und subkutanen Abszessen [18], in einem drei Monate alten Gorilla mit tödlicher Meningoenzephalitis [19] und in Ferkeln mit tödlicher exsudativer Epidermitis [20]. Klinische Infektionen beim Menschen, besonders bei immunkomprimierten Patienten können u. a. zu Endokarditis [21], Peritonitis in Dialysepatienten [22–24], septischem Schock [25], Entzündungen im Urogenitaltrakt [26, 27], und Wundinfektion [28] führen (bis 2014 zusammengefasst in [29]).

Viele Isolate tragen *mecA*-Homologe sowie das *bla* (β-Lactamase) *Operon* mit Resistenzen gegenüber Antibiotika wie Methicillin, Oxacillin, Penicillin, Gentamicin, Kanamycin, Tobramycin, Tetrazyklin und Trimethoprim-Sulfamethoxazol [30, 31]. Das Gen *mecA* ist auf

einem mobilen genetischen Element lokalisiert, welches als *staphylococcal cassette chromosome* (SCC*mec*) bezeichnet wird. Horizontaler Gentransfer von SCC*mec* von *Staphylococcus haemolyticus* auf *Staphylococcus aureus* könnte auch für eine mögliche Übertragung von *S. sciuri* auf *S. aureus* sprechen und zur Bildung neuer *S. aureus* MRSA-Klone beitragen. Zu den bisher bekannten Virulenzfaktoren zählen u. a. das Enterotoxin kodierende Gen *sed*, *arginine catabolic mobile element locus arcD-SCC*, Kapsel-kodierendes Gen *capK1* und das Gen *bap*, welches mit der Biofilmbildung assoziiert ist, *Immune-evasion factors isdA* und *isdB* [13], sowie *Toxic shock syndrome toxin-1* [32], und weitere zusammengefasst in [29].

In den Technischen Regeln für Biologische Arbeitsstoffe (TRBA) 466 „Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen“ ist *S. sciuri* in die Risikogruppe 1 mit Hinweisen +<sup>1</sup> und t<sup>2</sup> eingeordnet [33].

*Staphylococcus lentus* (Synonym *Mammaliococcus lentus*) wurde zunächst aufgrund einiger Merkmale wie langsames Wachstum, Bildung kleinerer Kolonien und fehlende Pigmentierung als *S. sciuri subsp. lentus* von *S. sciuri subsp. sciuri* unterschieden [34]. DNA-DNA Hybridisierungsstudien führten 1983 zur Einteilung in die separate Spezies *S. lentus* [4]. *S. lentus* hat einen Temperaturbereich von 25 bis 35 °C [8, 34]. Die Genomsequenz einzelner Isolate liegt vor [35].

Isolate wurden u. a. in Proben von Haut, Nasenabstrichen von Dromedaren [36] und Euter von Ziegen, Schafen [34] und Kühen sowie in Kuhmilchproben [15], Sojabohnenpaste [35] und im Boden von Pferdeställen [37] nachgewiesen. *S. lentus* tritt vereinzelt auch bei Tier und Menschen als Krankheitserreger in Erscheinung. Es ist assoziiert mit Mastitis bei Schafen und Ziegen [38], tödlicher Sepsis durch eine eitrige Gebärmutterentzündung im Europäischen Igel (*Erinaceus europaeus*) [39], Peritonitis bei einem Dialysepatienten [40] sowie Sinusitis eines zuvor Gesunden ohne Kontakt zu Tieren [41]. Das Bakterium wurde in klinischen Proben wie Urin, Peritonealflüssigkeit, Blut, Cerebrospinalflüssigkeit und Wundkulturen von Patienten mit typischen Symptomen einer Infektion wie Fieber, Schmerzen und Schwellung nachgewiesen [42].

Multiresistente *S. lentus* Isolate von mit den Antibiotikaresistenzgenen SCC*mec* VII –*mecC*, *mecA*, *mecC*, *blaZ*, *str*, *erm(B)*, *mph(C)* und *tet(K)* liegen vor [36], sowie Isolate mit Resistenzen gegenüber Penicillin, Ciprofloxacin, Carbenicillin, Gentamicin und Tobramycin und der Fähigkeit Biofilme zu bilden [43].

In der TRBA 466 „Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen“ ist *S. lentus* in die Risikogruppe 1 mit Hinweis ht+<sup>3</sup> eingeordnet [33].

---

<sup>1</sup> + In Einzelfällen als Krankheitserreger nachgewiesen oder vermutet, überwiegend bei erheblich abwegeminderten Menschen; Identifizierung der Art oft nicht zuverlässig.

<sup>2</sup> t<sup>2</sup> Wegen der Wirbeltierpathogenität können aus tierseuchenrechtlicher Sicht Sicherheitsmaßnahmen erforderlich werden, die, vergleichbar mit den Sicherheitsmaßnahmen der Schutzstufe 2, ein Entweichen des Prokaryonten in die äußere Umgebung bzw. in andere Arbeitsbereiche minimieren.

<sup>3</sup> ht+ In Einzelfällen als Krankheitserreger von Menschen und Wirbeltieren nachgewiesen oder vermutet, überwiegend bei erheblich abwegeminderten Menschen oder Tieren; Identifizierung der Art oft nicht zuverlässig.

## Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien in Anlage 1 GenTSV werden *Staphylococcus sciuri* (Synonym *Mammaliococcus sciuri*) und *Staphylococcus lentus* (Synonym *Mammaliococcus lentus*) als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten der **Risikogruppe 2** zugeordnet.

## Begründung

*Staphylococcus sciuri* (Synonym *Mammaliococcus sciuri*) und *Staphylococcus lentus* (Synonym *Mammaliococcus lentus*) kommen in der Umwelt wie auch im Menschen vor. Es handelt sich um opportunistische Krankheitserreger die Tiere und Menschen infizieren können. Die Übertragung der Resistenzgene auf andere Mitglieder der Familie *Staphylococcaceae* wie *Staphylococcus aureus* kann nicht ausgeschlossen werden.

## Literatur

1. **Madhaiyan M, Wirth JS, Saravanan VS** (2020). Phylogenomic analyses of the *Staphylococcaceae* family suggest the reclassification of five species within the genus *Staphylococcus* as heterotypic synonyms, the promotion of five subspecies to novel species, the taxonomic reassignment of five *Staphylococcus* species to *Mammaliococcus* gen. nov., and the formal assignment of *Nosocomiicoccus* to the family *Staphylococcaceae*. *Int J Syst Evol Microbiol* **70**(11):5926–36.
2. **Kloos WE, Ballard DN, George CG, Webster JA, Hubner RJ, Ludwig W, Schleifer KH, Fiedler F, Schubert K** (1998). Delimiting the genus *Staphylococcus* through description of *Macrococcus caseolyticus* gen. nov., comb. nov. and *Macrococcus equiperficus* sp. nov., *Macrococcus bovicus* sp. nov. and *Macrococcus carouselicus* sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* **48**(3):859–77.
3. **International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology** (1983). Validation of the Publication of New Names and New Combinations Previously Effectively Published Outside the IJSB: List No. 12. *Int J Syst Bacteriol* **33**(4):896–7.
4. **Schleifer KH, Geyer U, Kilpper-Bälz R, Devriese LA** (1983). Elevation of *Staphylococcus sciuri* subsp. *lentus* (Kloos et al.) to Species Status: *Staphylococcus lentus* (Kloos et al.) comb. nov. *Syst Appl Microbiol* **4**(3):382–7.
5. **Kloos WE, Ballard DN, Webster JA, Hubner RJ, Tomasz A, Couto I, Sloan GL, Dehart HP, Fiedler F, Schubert K, Lencastre H de, Sanches IS, Heath HE, Leblanc PA, Ljungh A** (1997). Ribotype delineation and description of *Staphylococcus sciuri* subspecies and their potential as reservoirs of methicillin resistance and staphylolytic enzyme genes. *Int J Syst Bacteriol* **47**(2):313–23.
6. **Vilo C, Salazar-Ardiles C, Caimanque TN, Dong Q, Flores N, Galetović A, Araya JE, Gómez-Silva B** (2019). Draft Genome Sequence of *Staphylococcus sciuri* Strain LCHXa, a Lithium-Tolerant Bacterium Isolated from Laguna Chaxa, Salar de Atacama, Chile. *Microbiol Resour Announc* **8**(4).
7. **Hu X, Zheng B, Jiang H, Kang Y, Cao Q, Ning H, Shang J** (2015). Draft Genome Sequence of *Staphylococcus sciuri* subsp. *sciuri* Strain Z8, Isolated from Human Skin. *Genome Announc* **3**(4).
8. **Salazar-Ardiles C, Caimanque T, Galetović A, Vilo C, Araya JE, Flores N, Gómez-Silva B** (2020). *Staphylococcus sciuri* Strain LCHXa is a Free-Living Lithium-Tolerant Bacterium Isolated from Salar de Atacama, Chile. *Microorganisms* **8**(5):1–15.
9. **Stepanović S, Dimitrijević V, Vuković D, Dakić I, Savić B, Svabic-Vlahović M** (2001). *Staphylococcus sciuri* as a part of skin, nasal and oral flora in healthy dogs. *Vet Microbiol* **82**(2):177–85.

10. **Dos Santos DO, Campos BH de, Souza TGV de, Castro YG de, Alves Neto G, Vieira AD, Ribeiro LN, Figueiredo CCC de, Duarte JR, Amaral VHB, Dos Souza LR de, Paula NF de, Coelho CM, Tinoco HP, Oliveira AR, Carvalho MPN de, Silva ROS, Santos RL** (2024). *Staphylococcus spp.* as part of the microbiota and as opportunistic pathogen in free-ranging black-tufted marmosets (*Callithrix penicillata*) from urban areas: Epidemiology, antimicrobial resistance, and pathology. *J Med Primatol* **53**(5):e12732.
11. **Saraiva MdMS, Leon CMC de, Silva NMVd, Raso TF, Serafini PP, Givisiez PEN, Gebreyes WA, Oliveira CJB de** (2021). *Staphylococcus sciuri* as a Reservoir of *mecA* to *Staphylococcus aureus* in Non-Migratory Seabirds from a Remote Oceanic Island. *Microb Drug Resist* **27**(4):553–61.
12. **Kawano J, Shimizu A, Saitoh Y, Yagi M, Saito T, Okamoto R** (1996). Isolation of methicillin-resistant coagulase-negative staphylococci from chickens. *J Clin Microbiol* **34**(9):2072–7.
13. **Nemeghaire S, Argudín MA, Haesebrouck F, Butaye P** (2014). Molecular epidemiology of methicillin-resistant *Staphylococcus sciuri* in healthy chickens. *Vet Microbiol* **171**(3-4):357–63.
14. **Nazipi S, Vangkilde-Pedersen SG, Busck MM, Lund DK, Marshall IPG, Bilde T, Lund MB, Schramm A** (2021). An antimicrobial *Staphylococcus sciuri* with broad temperature and salt spectrum isolated from the surface of the African social spider, *Stegodyphus dumicola*. *Antonie Van Leeuwenhoek* **114**(3):325–35.
15. **Reydams H, Toledo-Silva B, Mertens K, Piepers S, Souza FN de, Haesebrouck F, Vlieghe S de** (2023). Comparison of non-aureus staphylococcal and mammaliococcal species found in both composite milk and bulk-tank milk samples of dairy cows collected in tandem. *J Dairy Sci* **106**(11):7974–90.
16. **Ayodo C, Mugoh R, Ita T, Ouma C, Jepleting M, Oduor B, Guyah B, Omulo S** (2023). Nasal Carriage of Methicillin-Resistant *Staphylococcus sciuri* Group by Residents of an Urban Informal Settlement in Kenya. *East Afr Health Res J* **7**(1):76–80.
17. **Zhang M, Xue M, Xiao Z, Liu W, Jiang N, Meng Y, Fan Y, Liu X, Zhou Y** (2022). *Staphylococcus sciuri* causes disease and pathological changes in hybrid sturgeon *acipenser baerii* × *acipenser schrencki*. *Front Cell Infect Microbiol* **12**
18. **Kengkoom K. AS** (2017). *Staphylococcus sciuri* associated to subcutaneous abscess and dermatitis in ICR mouse. *Arq Bras Med Vet Zootec* **69**(1):117–22.
19. **Carvalho TP de, Moreira LGA, Vieira AD, da Silva LA, Santana CH, Dos Santos DO, Oliveira AR, Tinoco HP, Coelho CM, Xavier RGC, Silva ROS, da Paixão TA, Santos RL** (2022). *Mammaliococcus (Staphylococcus) sciuri* -induced suppurative meningoencephalitis and bacteremia in an infant western lowland gorilla (*Gorilla gorilla gorilla*). *J Med Primatol* **51**(6):396–9.
20. **Chen S, Wang Y, Chen F, Yang H, Gan M, Zheng SJ** (2007). A Highly Pathogenic Strain of *Staphylococcus sciuri* Caused Fatal Exudative Epidermitis in Piglets. *PloS one* **2**(1):e147.
21. **Hedin G, Widerström M** (1998). Endocarditis due to *Staphylococcus sciuri*. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis* **17**(9):673–5.
22. **Frederic Wallet LSEB** (2000). Peritonitis Due to *Staphylococcus sciuri* in a Patient on Continuous Ambulatory Peritoneal Dialysis. *Scand J Infect Dis* **32**(6):697–8.
23. **Meservey A, Sullivan A, Wu C, Lantos PM** (2020). *Staphylococcus sciuri* peritonitis in a patient on peritoneal dialysis. *Zoonoses Public Health* **67**(1):93–5.
24. **Ibarra-Sifuentes, H.R., Canales-Azcona, G.A., Gómez-Arredondo, J.I. et al.** (2024). Peritoneal-dialysis-associated peritonitis due to *Staphylococcus sciuri*: a case report and literature review. *Ren Replace Ther* **10**(52).
25. **Toshinobu Horii YST** (2001). Intravenous Catheter-related Septic Shock Caused by *Staphylococcus sciuri* and *Escherichia vulneris*. *Scand J Infect Dis* **33**(12):930–2.

26. **Stepanović S, Ježek P, Vukovic D, Dakic I, Petráš P** (2003). Isolation of Members of the *Staphylococcus sciuri* Group from Urine and Their Relationship to Urinary Tract Infections. *J Clin Microbiol* **41**(11):5262–4.
27. **Stepanović S, Ježek P, Dakić I, Vuković D, Seifert L** (2005). *Staphylococcus sciuri*: an unusual cause of pelvic inflammatory disease. *Int J STD AIDS* **16**(6):452–3.
28. **Stepanović S, Dakić I, Djukić S, Lozuk B, Svabić-Vlahović M** (2002). Surgical wound infection associated with *Staphylococcus sciuri*. *Scand J Infect Dis* **34**(9):685–6.
29. **Nemeghaire S, Argudín MA, Feßler AT, Hauschild T, Schwarz S, Butaye P** (2014). The ecological importance of the *Staphylococcus sciuri* species group as a reservoir for resistance and virulence genes. *Vet Microbiol* **171**(3-4):342–56.
30. **Marsou R, Bes M, Boudouma M, Brun Y, Meugnier H, Freney J, Vandenesch F, Etienne J** (1999). Distribution of *Staphylococcus sciuri* subspecies among human clinical specimens, and profile of antibiotic resistance. *Res Microbiol* **150**(8):531–41.
31. **Dakić I, Morrison D, Vuković D, Savić B, Shittu A, Ježek P, Hauschild T, Stepanović S** (2005). Isolation and Molecular Characterization of *Staphylococcus sciuri* in the Hospital Environment. *J Clin Microbiol* **43**(6):2782–5.
32. **Orden JA, Goyache J, Hernandez J, Domenech A, Suarez G, Gomez-Lucia E** (1992). Production of Staphylococcal Enterotoxins and TSST-1 by Coagulase Negative Staphylococci Isolated From Ruminant Mastitis. *J Vet Med B Infect Dis Vet Public Health* **39**(1-10):144–8.
33. **TRBA** (2015). Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen (TRBA 466) <https://www.baua.de/DE/Angebote/Rechtstexte-und-Technische-Regeln/Regelwerk/TRBA/TRBA-466.html>. Besucht am 26.04.2023.
34. **Kloos WE, Schleifer KH, SMITH RF** (1976). Characterization of *Staphylococcus sciuri sp.nov.* and Its Subspecies. *Int J Syst Bacteriol* **26**(1):22–37.
35. **Nam Y-D, Chung W-H, Seo M-J, Lim S-I, Yi S-H** (2012). Genome sequence of *Staphylococcus lentus* F1142, a strain isolated from Korean soybean paste. *J Bacteriol* **194**(21):5987.
36. **Belhout C, Boyen F, Vereecke N, Theuns S, Taibi N, Stegger M, La Fé-Rodríguez PY de, Bouayad L, Elgroud R, Butaye P** (2023). Prevalence and Molecular Characterization of Methicillin-Resistant Staphylococci (MRS) and Mammaliococci (MRM) in Dromedary Camels from Algeria: First Detection of SCCmec-mecC Hybrid in Methicillin-Resistant *Mammaliococcus lentus*. *Antibiotics (Basel)* **12**(4).
37. **Alexyuk P, Alexyuk M, Moldakhanov Y, Berezin V, Bogoyavlenskiy A** (2023). Draft genome sequences data of *Mammaliococcus lentus* isolated from horse farm soil. *Data Brief* **51**:109752.
38. **Rosa NM, Penati M, Fusar-Poli S, Addis MF, Tola S** (2022). Species identification by MALDI-TOF MS and gap PCR–RFLP of non-aureus *Staphylococcus*, *Mammaliococcus*, and *Streptococcus spp.* associated with sheep and goat mastitis. *Vet Res* **53**
39. **Garcês A, Poeta P, Soeiro V, Lóio S, Cardoso-Gomes A, Torres C, Pires I** (2019). Pyometra Caused by *Staphylococcus lentus* in a Wild European Hedgehog (*Erinaceus europaeus*). *J Wildl Dis* **55**(3):724–7.
40. **Rivera M, Dominguez MD, Mendiola NR, Roso GR, Quereda C** (2014). *Staphylococcus lentus* Peritonitis: A Case Report. *Perit Dial Int* **34**(4):469–70.
41. **Hay CY, Sherris DA** (2020). *Staphylococcus lentus* Sinusitis: A New Sinonasal Pathogen. *Ear Nose Throat J* **99**(6):NP62-NP63.
42. **Mazal C. SB.** *Staphylococcus lentus*: The troublemaker. In 14th International Congress on Infectious Diseases (ICID) Abstracts, e397
43. **Al-Azawi IH, Al-Hamadani AH, Hasson SO** (2018). Association between Biofilm Formation and Susceptibility to Antibiotics in *Staphylococcus Lentus* Isolated from Urinary Catheterized Patients. *Nano BioMed ENG* **10**(2).