



**Stellungnahme der ZKBS zur Risikobewertung von *Staphylococcus simiae*,
Streptococcus equi subsp. *ruminatorium* und *Streptococcus pseudoporcinus*
gemäß § 5 Absatz 1 GenTSV**

***Staphylococcus simiae* sp. nov.:**

Staphylococcus simiae wurde aus Fäkalien des südamerikanischen Totenkopf-Affen *Saimiri sciureus* isoliert. Es handelt sich um einen Gram-positiven, kokkoiden, unbeweglichen Vertreter der Staphylococcaceae. Sequenzanalysen des 16S-rRNA-Gens zeigten eine 99 %ige Ähnlichkeit und die Proteinsequenz von Hsp60 eine 98 %ige Identität zu *Staphylococcus aureus*. Die weitere Abgrenzung des Stammes innerhalb der *S. aureus*-Speziesgruppe erfolgte durch Ribotyping, ITS-PCR, PFGE (*pulsed field gel electrophoresis*), Plasmidisolierung und RAPD (*random amplification of polymorphic DNA*) mit ERIC-Primern (*enterobacterial repetitive intergenic consensus sequence*). Danach besitzt *S. simiae* keine Plasmide und hat eine ungefähre Genomgröße von 2,4 Mbp, also ein kleineres Genom als *S. aureus*.

In phänotypischen Untersuchungen wurde gezeigt, dass dieses Bakterium sensitiv für Lysostaphin, Novobiocin und Nitrofurantoin, aber resistent gegen Bacitracin und Polymyxin B ist. Es zeigt eine schwache Hämolyse-Aktivität, ist aber negativ für Koagulase und "clumping-factor". Durch Agglutinationstests und PCR wurde nachgewiesen, dass *S. simiae* die Enterotoxine SEA, SEB, SEC₁, SEC₂, SED, SEE und TSST-1 nicht produziert¹.

Dieses Bakterium wird von der DSMZ in die Risikogruppe 1 eingestuft².

Bewertung:

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i.V.m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird *Staphylococcus simiae* als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten in die **Risikogruppe 2** eingestuft.

Begründung:

Bisher liegen über dieses Bakterium nur sehr wenige Informationen vor. In der einzigen Veröffentlichung zu *S. simiae* wird zwar der Nachweis erbracht, dass dieses Bakterium für wesentliche Pathogenitätsfaktoren des nahen Verwandten *S. aureus* nicht kodiert. Allerdings gibt es keine Aussagen über das Vorhandensein von z.B. Exotoxinen oder exfoliativen Toxinen. Aufgrund der Verwandtschaft zum fakultativ pathogenen *S. aureus* und der Isolation eines der beschriebenen Stämme von *S. simiae* aus einem Totenkopf-Affen mit blutiger Diarrhöe ist ein pathogenes Potential dieses Bakterium nicht auszuschließen.

***Streptococcus equi* subsp. *ruminatorium*:**

Bei einer bakteriellen Routineüberprüfung zum Nachweis eines Erregers von Mastitis bei kleinen Wiederkäuern wurden sechs unidentifizierbare Isolate gefunden, die eine hohe genealogische Homogenität aufwiesen. Ihre 16S-rRNA-Nukleotidsequenzen hatten eine 99,8 bis 100 %ige Ähnlichkeit zueinander. Vier dieser Gram-positiven, fakultativ anaeroben und Katalase-negativen Kokken wurden aus Schafen mit einer subklinischen Mastitis und zwei aus Ziegen mit einer klinischen Mastitis isoliert. Durch die Analyse der 16S-rRNA-Gensequenz konnten die Isolate der Gattung der *Streptococcus* zugeordnet werden, mit *Streptococcus equi* als nächstem charakterisierten Verwandten (98,8 % Sequenzähnlichkeit). In weiteren molekularbiologischen und phänotypischen Analysen konnte eine klare Differenzierung der



Isolate gegen *Streptococcus equi* subsp. *equi* und *S. equi* subsp. *zooepidemicus* vorgenommen werden. Die sechs Isolate wurden daraufhin als neue Subspezies *S. equi* subsp. *ruminatorium* definiert³.

Dieses Bakterium wird bei der spanischen Stammsammlung für Mikroorganismen in die Risikogruppe 1 eingestuft⁴.

Bewertung:

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i.V.m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird *Streptococcus equi* subsp. *ruminatorium* als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten in die **Risikogruppe 2** eingestuft.

Begründung:

Die Erstbeschreibung dieser Subspecies berichtet von sechs Isolaten, die aus der Milch von Schafen und Ziegen stammen. Alle sechs Tiere litten an Mastitis. Die Autoren gehen davon aus, dass es sich bei *Streptococcus equi* subsp. *ruminatorium* um einen Erreger von Mastitis bei kleinen Wiederkäuern handelt.

***Streptococcus pseudoporcinus*:**

Der Vergleich von sieben tierischen und neun humanen Isolaten des Bakteriums *Streptococcus porcinus* zeigte signifikante phänotypische Unterschiede zwischen diesen beiden Gruppen. Die Sequenzierung des 16S-rRNA-Gens dieser 16 Stämme und der Vergleich der Sequenzen mit 12 *Streptococcus* ATCC-Typstämmen bestätigte, dass die neun von Menschen isolierten Stämme mit mehr als 2,1 % Sequenzabweichung zu anderen Streptokokken-Arten ein eigenes Cluster bilden⁵. Aufgrund ihrer bisherigen Zuordnung zur und der vielen phänotypischen Gemeinsamkeiten mit der Art *S. porcinus* wurden diese neun Stämme in *Streptococcus pseudoporcinus* umbenannt. Diese neun β -hämolytischen Isolate stammen hauptsächlich aus dem Genitalbereich von Frauen, wobei nicht über Symptome durch die Besiedelung mit diesem Organismen berichtet wurde. Andere als *S. porcinus* bezeichnete Isolationen waren assoziiert mit Beckenentzündungen, Sepsis und einer Totgeburt. Die molekularbiologischen und phänotypischen Untersuchungen zu diesen Isolaten legen die Vermutung nahe, dass es sich auch bei diesen Stämmen um *S. pseudoporcinus* handeln könnte⁶⁻⁹. Dieses Bakterium wird von der ATCC und dem DSMZ in die Risikogruppe 2 eingestuft^{2,10}.

Bewertung:

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i.V.m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird *Streptococcus pseudoporcinus* als Spender- und Empfängerorganismus für gentechnische Arbeiten in die **Risikogruppe 2** eingestuft.

Begründung:

Dieses Bakterium führt hauptsächlich bei Frauen zu Infektionen im Genitalbereich und hat daher pathogenes Potential.

Literatur:

1. Pantucek, R., Sedlacek, I., Petras, P., Koukalova, D., Svec, P., Stetina, V., Vancanneyt, M., Chrastinova, L., Vokurkova, J., Ruzickova, V., Doskar, J., Swings, J., and Hajek, V. 2005. *Staphylococcus simiae* sp. nov., isolated from South American squirrel monkeys. Int. J. Syst. Evol. Microbiol., 55,1953-1958.
2. [http:// www.dsmz.de/microorganisms/main.php?contentleft_id=6](http://www.dsmz.de/microorganisms/main.php?contentleft_id=6). DSMZ Online Catalogue. 2006.



3. Fernandez,E., Blume,V., Garrido,P., Collins,M.D., Mateos,A., Dominguez,L., and Fernandez-Garayzabal,J.F. 2004. *Streptococcus equi* subsp. *ruminatorum* subsp. nov., isolated from mastitis in small ruminants. Int. J. Syst. Evol. Microbiol., 54,2291-2296.
4. <http://www.cect.org/english/>. CECT Online Catalogue. 2007.
5. Bekal,S., Gaudreau,C., Laurence,R.A., Simoneau,E., and Raynal,L. 2006. *Streptococcus pseudoporcinus* sp. nov., a novel species isolated from the genitourinary tract of women. J. Clin. Microbiol., 44,2584-2586.
6. Duarte,R.S., Barros,R.R., Facklam,R.R., and Teixeira,L.M. 2005. Phenotypic and genotypic characteristics of *Streptococcus porcinus* isolated from human sources. J. Clin. Microbiol., 43,4592-4601.
7. Facklam,R., Elliott,J., Pigott,N., and Franklin,A.R. 1995. Identification of *Streptococcus porcinus* from human sources. J. Clin. Microbiol., 33,385-388.
8. Martin,C., Fermeaux,V., Eyraud,J.L., and Aubard,Y. 2004. *Streptococcus porcinus* as a cause of spontaneous preterm human stillbirth. J. Clin. Microbiol., 42,4396-4398.
9. Gaudreau,C., Simoneau,E., Labrecque,O., Laurence,R.A., Laferriere,C., Miller,M., Raynal,L., and Rallu,F. 2007. Epidemiological, biochemical and antimicrobial susceptibility characteristics of *Streptococcus pseudoporcinus* isolated in Quebec, Canada, from 1997 to 2006. J. Med. Microbiol., 56,1620-1624.
10. <http://www.lgcpromochem-atcc.com/TechnicalInfo/BiosafetyLevels.cfm>. LGC-ATCC Online Catalogue. 2006.