

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

Allgemeines

Trabulsiella guamensis (früher auch: CDC enteric group 90) ist ein Gram-negatives, fakultativ anaerobes Bakterium aus der Familie der *Enterobacteriaceae* [1]. Es kann aus Umweltproben (z. B. aus dem Inhalt von Staubsaugerbeuteln), Lebensmitteln und aus menschlichen Fäzes isoliert werden [2]. *T. guamensis* kommt im Vergleich zu anderen Enterobakterien selten vor und wurde bisher gelegentlich in den USA, Guam, Malaysia und Deutschland isoliert.

Am engsten verwandt ist *T. guamensis* mit Spezies der Gattungen *Citrobacter* und *Kluyvera* [3]. Anhand seines physiologischen Phänotyps ist es leicht mit Vertretern der Subgruppen 4 und 5 der Salmonellen zu verwechseln, kann aber von Salmonellen eindeutig dadurch unterschieden werden, dass es nicht vom *Salmonella*-Bakteriophagen O1 lysiert werden kann, nicht nach Zugabe von *Salmonella* O- oder H-Antiseren agglutiniert und nicht mit *Salmonella*-DNA-Sonden hybridisiert [1].

T. guamensis ist suszeptibel gegenüber den Antibiotika Colistin, Gentamicin, Chloramphenicol, Streptomycin, Kanamycin, Tetrazyklin und Nalidixinsäure, jedoch resistent gegen Penicillin, Ampicillin und Cefalotin [1].

In den Technischen Regeln für Biologische Arbeitsstoffe „Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen – TRBA 466“ wird *T. guamensis* der Risikogruppe 1 zugeordnet [4].

Empfehlung

Nach § 5 Absatz 1 GenTSV i. V. m. den Kriterien im Anhang I GenTSV wird *Trabulsiella guamensis* der **Risikogruppe 1** zugeordnet.

Begründung

Es existieren keine Hinweise darauf, dass *T. guamensis* ein pathogenes Potential für den Menschen, Tiere oder die Umwelt hat.

Literatur

1. McWhorter AC, Haddock RL, Nocon FA, Steigerwalt AG, Brenner DJ, Aleksic S, Bockemühl J, Farmer JJ (1991). *Trabulsiella guamensis*, a new genus and species of the family Enterobacteriaceae that resembles *Salmonella* subgroups 4 and 5. *J Clin Microbiol.* **29**(7):1480-5.

2. **Janda JM** (2006). New members of the family Enterobacteriaceae, p. 5-40. *In*: The Prokaryotes. Springer.
3. **Paradis S, Boissinot M, Paquette N, Bélanger SD, Martel EA, Boudreau DK, Picard FJ, Ouellette M, Roy PH, Bergeron MG** (2005). Phylogeny of the Enterobacteriaceae based on genes encoding elongation factor Tu and F-ATPase β -subunit. *Int J Syst Evol Microbiol.* **55**(5):2013-25.
4. **TRBA** (2016). Einstufung von Prokaryonten (Bacteria und Archaea) in Risikogruppen (TRBA 466). <http://www.baua.de/de/Themen-von-A-Z/Biologische-Arbeitsstoffe/TRBA/TRBA-466.html>. 18-5-2016.